(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2019년01월25일
(11) 등록번호 10-1942694
(24) 등록일자 2019년01월21일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/22 (2006.01) *A61K 39/00* (2006.01)
C07K 16/28 (2006.01) *C07K 16/30* (2006.01)
C07K 16/40 (2006.01)
(52) CPC특허분류
C07K 16/22 (2013.01)
C07K 16/2803 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2018-7006311(분할)
(22) 출원일자(국제) 2009년10월01일
심사청구일자 2018년04월04일
(85) 번역문제출일자 2018년03월05일
(65) 공개번호 10-2018-0026581
(43) 공개일자 2018년03월12일
(62) 원출원 특허 10-2011-7010031
원출원일자(국제) 2009년10월01일
심사청구일자 2014년09월29일
(86) 국제출원번호 PCT/EP2009/062792
(87) 국제공개번호 WO 2010/037835
국제공개일자 2010년04월08일
(30) 우선권주장
61/101,850 2008년10월01일 미국(US)
(뒷면에 계속)
(56) 선행기술조사문헌
WO2005040220 A1*
WO2007042261 A2*
*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

(73) 특허권자
암젠 리서치 (뮌헨) 게엠베하
독일 뮌헨, 스타펠지스트리트 2,81477
(72) 발명자
쿠퍼 피터
독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내
라움 토비아스
독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
제일특허법인(유)

전체 청구항 수 : 총 11 항 심사관 : 김은영

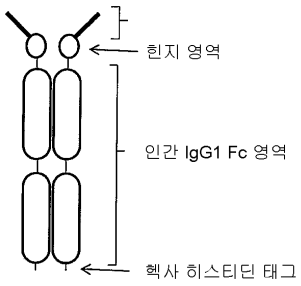
(54) 발명의 명칭 **종간 특이적 PSCAxCD3, CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체**

(57) 요 약

본 발명은 인간 CD3(ε) 엡실론 쇄 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인, 및 전립선 줄기 세포 항원(PSCA), B-림프구 항원 CD19(CD19), 간세포 성장 인자 수용체(c-MET), 엔도시알린(Endosialin), 엑손 2에 의해 코딩되는 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1, 섬유모세포 활성화 단백질 알파(FAPα)

(뒷면에 계속)

대 표 도



및 인슐린-유사 성장 인자 I 수용체(IGF-IR 또는 IGF-1R)로 구성된 군으로부터 선택된 항원에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자로서, 상기 에피토프가 서열번호 2, 4, 6 및 8로 구성된 군으로부터 선택된 아미노산 서열의 일부인, 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 상기 이중특이적 항체 분자를 코딩하는 핵산뿐만 아니라 벡터, 숙주 및 상기 이중특이적 항체 분자의 제조 방법을 제공한다. 추가로, 본 발명은 상기 이중특이적 항체 분자를 포함하는 약학 조성물 및 상기 이중특이적 항체 분자의 의약용도에 관한 것이다.

(52) CPC특허분류

C07K 16/2809 (2013.01)
C07K 16/2851 (2013.01)
C07K 16/30 (2013.01)
C07K 16/40 (2013.01)
A61K 2039/505 (2013.01)

(72) 발명자

키셸 로만

독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내

루테르부스 랄프

독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내

호프만 패트릭

독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내

라우 도리스

독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내

클링거 마티아스

독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내

망골드 수잔

독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내

블루멜 클라우디아

독일 81477 뮌헨 스타펠지스트리트 2 마이크로메트 에이지 내

(30) 우선권주장

61/101,853 2008년10월01일 미국(US)
61/101,846 2008년10월01일 미국(US)
61/101,844 2008년10월01일 미국(US)
61/101,927 2008년10월01일 미국(US)
61/101,921 2008년10월01일 미국(US)
61/101,933 2008년10월01일 미국(US)

명 세 서

청구범위

청구항 1

인간, 및 칼리트릭스 자쿠스, 사귀너스 오에디퍼스 또는 사이미리 시우레우스 CD3ε(엡실론) 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인, 및 전립선 줄기 세포 항원(PSCA), B-림프구 항원 CD19(CD19), 간세포 성장 인자 수용체(c-MET), 엔도시알린(Endosialin), 엑손 2에 의해 코딩되는 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1, 섬유모세포 활성화 단백질 알파(FAPα) 및 인슐린-유사 성장 인자 I 수용체(IGF-IR 또는 IGF-1R)로 구성된 군으로부터 선택된 항원에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자로서,

상기 에피토프가 서열번호 2, 4, 6 또는 8의 아미노산 서열의 일부이고, 아미노산 서열 Gln-Asp-Gly-Asn-Glu를 포함하며,

제1 결합 도메인이 인간 및 사이미리 시우레우스의 CD3ε 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산들로 마우스를 면역화하고, 인간, 및 칼리트릭스 자쿠스, 사귀너스 오에디퍼스 또는 사이미리 시우레우스의 1차 T 세포에의 결합을 확인함에 의해 얻어질 수 있는

이중특이적 단일쇄 항체 분자.

청구항 2

제1항에 있어서,

제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인 중 하나 이상의 결합 도메인이 CDR-이식된 도메인, 인간화된 도메인 또는 인간 도메인인, 이중특이적 단일쇄 항체 분자.

청구항 3

제1항에 있어서,

제1 결합 도메인이 하기 (a) 내지 (c)로부터 선택된 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3을 포함하는 가변 경쇄(VL) 영역을 포함하는, 이중특이적 단일쇄 항체 분자:

(a) 서열번호 27에 기재된 CDR-L1, 서열번호 28에 기재된 CDR-L2 및 서열번호 29에 기재된 CDR-L3;

(b) 서열번호 117에 기재된 CDR-L1, 서열번호 118에 기재된 CDR-L2 및 서열번호 119에 기재된 CDR-L3; 및

(c) 서열번호 153에 기재된 CDR-L1, 서열번호 154에 기재된 CDR-L2 및 서열번호 155에 기재된 CDR-L3.

청구항 4

제1항에 있어서,

제1 결합 도메인이 하기 (a) 내지 (j)로부터 선택된 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3을 포함하는 가변 중쇄(VH) 영역을 포함하는, 이중특이적 단일쇄 항체 분자:

(a) 서열번호 12에 기재된 CDR-H1, 서열번호 13에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 14에 기재된 CDR-H3;

(b) 서열번호 30에 기재된 CDR-H1, 서열번호 31에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 32에 기재된 CDR-H3;

(c) 서열번호 48에 기재된 CDR-H1, 서열번호 49에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 50에 기재된 CDR-H3;

(d) 서열번호 66에 기재된 CDR-H1, 서열번호 67에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 68에 기재된 CDR-H3;

(e) 서열번호 84에 기재된 CDR-H1, 서열번호 85에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 86에 기재된 CDR-H3;

(f) 서열번호 102에 기재된 CDR-H1, 서열번호 103에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 104에 기재된 CDR-H3;

(g) 서열번호 120에 기재된 CDR-H1, 서열번호 121에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 122에 기재된 CDR-H3;

(h) 서열번호 138에 기재된 CDR-H1, 서열번호 139에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 140에 기재된 CDR-H3;

(i) 서열번호 156에 기재된 CDR-H1, 서열번호 157에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 158에 기재된 CDR-H3; 및

(j) 서열번호 174에 기재된 CDR-H1, 서열번호 175에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 176에 기재된 CDR-H3.

청구항 5

제3항에 있어서,

제1 결합 도메인이 서열번호 35에 기재된 VL 영역, 서열번호 39에 기재된 VL 영역, 서열번호 125에 기재된 VL 영역, 서열번호 129에 기재된 VL 영역, 서열번호 161에 기재된 VL 영역 및 서열번호 165에 기재된 VL 영역으로 구성된 군으로부터 선택된 VL 영역을 포함하는, 이중특이적 단일쇄 항체 분자.

청구항 6

제4항에 있어서,

제1 결합 도메인이 서열번호 15에 기재된 VH 영역, 서열번호 19에 기재된 VH 영역, 서열번호 33에 기재된 VH 영역, 서열번호 37에 기재된 VH 영역, 서열번호 51에 기재된 VH 영역, 서열번호 55에 기재된 VH 영역, 서열번호 69에 기재된 VH 영역, 서열번호 73에 기재된 VH 영역, 서열번호 87에 기재된 VH 영역, 서열번호 91에 기재된 VH 영역, 서열번호 105에 기재된 VH 영역, 서열번호 109에 기재된 VH 영역, 서열번호 123에 기재된 VH 영역, 서열번호 127에 기재된 VH 영역, 서열번호 141에 기재된 VH 영역, 서열번호 145에 기재된 VH 영역, 서열번호 159에 기재된 VH 영역, 서열번호 163에 기재된 VH 영역, 서열번호 177에 기재된 VH 영역 및 서열번호 181에 기재된 VH 영역으로 구성된 군으로부터 선택된 VH 영역을 포함하는, 이중특이적 단일쇄 항체 분자.

청구항 7

삭제

청구항 8

삭제

청구항 9

제1항에 따른 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 코딩하는 핵산.

청구항 10

제9항에 따른 핵산을 포함하는 벡터.

청구항 11

제10항에 따른 벡터로 형질전환되거나 형질감염된 숙주 세포.

청구항 12

제11항에 따른 숙주 세포를 제1항에 따른 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 발현을 허용하는 조건 하에 배양하는 단계, 및 생성된 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 배양물로부터 회수하는 단계를 포함하는, 제1항에 따른 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 제조 방법.

청구항 13

제1항에 따른 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 포함하는 종양 질환의 예방, 치료 또는 완화에 사용되는 약학 조성물.

청구항 14

삭제

청구항 15

삭제

청구항 16

삭제

청구항 17

삭제

청구항 18

삭제

청구항 19

삭제

청구항 20

삭제

청구항 21

삭제

청구항 22

삭제

청구항 23

삭제

청구항 24

삭제

청구항 25

삭제

청구항 26

삭제

청구항 27

삭제

청구항 28

삭제

청구항 29

삭제

청구항 30

삭제

청구항 31

삭제

청구항 32

삭제

청구항 33

삭제

청구항 34

삭제

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

삭제

청구항 41

삭제

청구항 42

삭제

청구항 43

삭제

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

청구항 48

삭제

청구항 49

삭제

청구항 50

삭제

청구항 51

삭제

청구항 52

삭제

청구항 53

삭제

청구항 54

삭제

청구항 55

삭제

청구항 56

삭제

청구항 57

삭제

청구항 58

삭제

청구항 59

삭제

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 본 발명은 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3ε(엡실론) 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인, 및 전립선 줄기 세포 항원(PSCA), B-림프구 항원 CD19(CD19), 간세포 성장 인자 수용체(c-MET), 엔도시알린(Endosialin), 엑손 2에 의해 코딩되는 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1, 섬유모세포 활성화 단백질 알파(FAPα) 및 인슐린-유사 성장 인자 I 수용체(IGF-IR 또는 IGF-1R)로 구성된 군으로부터 선택된 항원에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것으로서, 상기 에피토프는 서열번호 2, 4, 6 및 8에 포함된 아미노산 서열의 일부이다. 또한, 본 발명은 상기 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 코딩하는 핵산,

벡터, 숙주 세포 및 이의 제조 방법을 제공한다. 또한, 본 발명은 상기 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 포함하는 약학 조성물 및 상기 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 의학용도에 관한 것이다.

배 경 기 술

[0002] T 세포 인식은 펩티드 MHC(pMHC)의 펩티드-적재된 분자와 상호작용하는 클론형적으로 분포된 알파 베타 및 감마 델타 T 세포 수용체(TcR)에 의해 매개된다(Davis & Bjorkman, Nature 334 (1988), 395-402). TcR의 항원-특이적 쇄는 신호전달 도메인을 갖지 않는 대신에 보존된 다중서브유니트 신호전달 장치 CD3에 커플링된다(Call, Cell 111 (2002), 967-979, Alarcon, Immunol. Rev. 191 (2003), 38-46, Malissen Immunol. Rev. 191 (2003), 7-27). TcR 라이게이션이 상기 신호전달 장치와 직접 소통하는 기작은 T 세포 생물학에서 근본적인 과제로 남아있다(Alarcon, loc. cit.; Davis, Cell 110 (2002), 285-287). 지속된 T 세포 반응이 보조수용체 참여, TcR 올리고머화, 및 면역 시냅스(synapse)에서의 TcR-pMHC 결합체의 고차원적 정렬을 수반함은 분명한 듯하다(Davis & van der Merwe, Curr. Biol. 11 (2001), R289-R291, Davis, Nat. Immunol. 4 (2003), 217-224). 그러나, 극히 초기의 TcR 신호전달은 이러한 사건들의 부재 하에 일어나고 CD3 엡실론에서 리간드-유도된 구조적 변화를 수반할 수 있다(Alarcon, loc. cit., Davis (2002), loc. cit., Gil, J. Biol. Chem. 276 (2001), 11174-11179, Gil, Cell 109 (2002), 901-912). 신호전달 결합체의 엡실론, 감마, 델타 및 제타 서브유니트는 서로 결합하여 CD3 엡실론-감마 이종이량체, CD3 엡실론-델타 이종이량체 및 CD3 제타-제타 동종이량체를 형성한다(상기 인용문헌 참조). 다양한 연구는 CD3 분자가 알파 베타 TcR의 적절한 세포 표면 발현 및 정상적인 T 세포 발달에 있어서 중요함을 입증한다(Berkhout, J. Biol. Chem. 263 (1988), 8528-8536, Wang, J. Exp. Med. 188 (1998), 1375-1380, Kappes, Curr. Opin. Immunol. 7 (1995), 441-447). 마우스 CD3 엡실론-감마 이종이량체의 엑토도메인(ectodomain) 단편의 용액 구조는 상기 엡실론-감마 서브유니트가 서로 상호작용하여 비정상적인 측면-대-측면 이량체 입체구조(side-to-side dimer configuration)를 형성하는 C2-세트 Ig 도메인 둘다임을 보여주었다(Sun, Cell 105 (2001), 913-923). 시스테인-풍부 줄기가 CD3 이량체화를 유도하는 데 있어서 중요할 역할을 수행하는 듯하지만(Su, loc. cit., Borroto, J. Biol. Chem. 273 (1998), 12807-12816), CD3 엡실론 및 CD3 감마의 세포외 도메인들에 의한 상호작용은 이 단백질들과 TcR 베타의 조립에 충분하다(Manolios, Eur. J. Immunol. 24 (1994), 84-92, Manolios & Li, Immunol. Cell Biol. 73 (1995), 532-536). 여전히 논의되고 있지만, TcR의 우세한 화학양론은 1개의 알파 베타 TcR, 1개의 CD3 엡실론 감마 이종이량체, 1개의 CD3 엡실론 델타 이종이량체 및 1개의 CD3 제타 제타 동종이량체를 포함할 가능성이 가장 높다(상기 인용문헌 참조). 인간 CD3 엡실론-감마 이종이량체가 면역 반응에서 중추적인 역할을 수행한다고 가정하고, 치료 항체 OKT3에 결합된 이 결합체의 결정 구조가 최근에 밝혀졌다(Kjer-Nielsen, PNAS 101, (2004), 7675-7680).

[0003] 다수의 치료 방법이 TcR 신호전달, 특히 면역억제 요법에서 임상적으로 널리 사용되고 있는 항-인간 CD3 단일클론 항체(mAb)를 표적화함으로써 T 세포 면역을 조절한다. CD3-특이적 마우스 mAb OKT3은 인간에서의 사용에 대해 가장 먼저 허가된 mAb이고(Sgro, Toxicology 105 (1995), 23-29), 이식(Chatenoud, Clin. Transplant 7 (1993), 422-430, Chatenoud, Nat. Rev. Immunol. 3 (2003), 123-132, Kumar, Transplant. Proc. 30 (1998), 1351-1352), 1형 당뇨병(상기 문헌(Chatenoud (2003)) 및 건선(Utset, J. Rheumatol. 29 (2002), 1907-1913)에서 면역억제제로서 임상적으로 널리 사용되고 있다. 뿐만 아니라, 항-CD3 mAb는 부분적 T 세포 신호전달 및 클론 무력증을 유도할 수 있다(Smith, J. Exp. Med. 185 (1997), 1413-1422). OKT3은 강력한 T 세포 유사분열촉진제(Van Wauve, J. Immunol. 124 (1980), 2708-18) 및 강력한 T 세포 사멸제(Wong, Transplantation 50 (1990), 683-9)로서 문헌에 기재되어 있다. OKT3은 시간-의존적 방식으로 상기 두 활성을 나타내고, 사이토카인 방출을 초래하는 T 세포의 초기 활성화 후, 추가 투여 시 OKT3은 모든 공지된 T 세포 기능을 차단한다. 이것은 OKT3이 동종이식(allograft) 조직 거부의 감소 또는 심지어 제거를 위한 치료 요법에서 면역억제제로 사용되는 바와 같이 광범위한 용도로 사용되는 것은 T 세포 기능의 이러한 추후 차단 때문이다.

[0004] OKT3은 아마도 급성 거부에서 주요 역할을 수행하는 모든 T 세포의 기능을 차단함으로써 동종이식 조직 거부를 제거할 것이다. OKT3은 T 세포의 항원 인식 구조체(TCR)와 관련되어 있으면서 신호 전달도입에 필수적인, 인간 T 세포의 막에 존재하는 CD3 결합체와 반응하여 이 결합체의 기능을 차단한다. TCR/CD3의 어떤 서브유니트가 OKT3에 결합하는 지는 많은 연구의 주제가 되어 왔다. TCR/CD3 결합체의 엡실론-서브유니트에 대한 OKT3의 특이성에 대한 몇몇 증거가 존재하지만(Tunnacliffe, Int. Immunol. 1 (1989), 546-50; Kjer-Nielsen, PNAS 101, (2004), 7675-7680), 추가 증거는 TCR/CD3 결합체의 OKT3 결합이 이 결합체의 다른 서브유니트의 존재를 필요로 함을 입증하였다(Salmeron, J. Immunol. 147 (1991), 3047-52).

[0005] CD3 분자에 대한 특이성을 나타내는 다른 잘 공지된 항체는 문헌(Tunnacliffe, Int. Immunol. 1 (1989), 546-

50)에 기재되어 있다. 전술된 바와 같이, 이러한 CD3 특이적 항체는 다양한 T 세포 반응, 예컨대, 림포카인 생성(Von Wussow, J. Immunol. 127 (1981), 1197; Palacious, J. Immunol. 128 (1982), 337), 증식(Van Wauve, J. Immunol. 124 (1980), 2708-18) 및 억제자-T 세포 유도(Kunicka, in "Lymphocyte Typing II" 1 (1986), 223)를 유도할 수 있다. 즉, 실험 조건에 따라 CD3 특이적 단일클론 항체는 세포독성을 억제하거나 유도할 수 있다(Leewenberg, J. Immunol. 134 (1985), 3770; Phillips, J. Immunol. 136 (1986) 1579; Platsoucas, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 78 (1981), 4500; Itoh, Cell. Immunol. 108 (1987), 283-96; Mentzer, J. Immunol. 135 (1985), 34; Landegren, J. Exp. Med. 155 (1982), 1579; Choi (2001), Eur. J. Immunol. 31, 94-106; Xu (2000), Cell Immunol. 200, 16-26; Kimball (1995), Transpl. Immunol. 3, 212-221).

[0006] 당분야에 공지된 CD3 항체들 중 대다수가 CD3 결합체의 CD3 엡실론 서브유니트를 인식하는 것으로 보고되어 있지만, 이들 중 대다수는 사실상 입체구조적 에피토프에 결합하므로 오로지 천연 상태의 TCR에서 CD3 엡실론을 인식한다. 입체구조적 에피토프는 일차 서열에서 분리되어 있으나 폴리펩티드가 천연 단백질/항원으로 폴딩될 때 분자의 표면에 함께 존재하는 2개 이상의 분산된 아미노산 잔기의 존재를 특징으로 한다(Sela, (1969) Science 166, 1365 and Laver, (1990) Cell 61,553-6). 당분야에 공지된 CD3 엡실론 항체에 의해 결합되는 입체구조적 에피토프는 2개의 군으로 분리될 수 있다. 주요 군에서, 상기 에피토프는 2개의 CD3 서브유니트, 예를 들어, CD3 엡실론 쇄 및 CD3 감마 쇄 또는 CD3 델타 쇄에 의해 형성된다. 예를 들어, 여러 연구는 가장 널리 사용되는 CD3 엡실론 단일클론 항체 OKT3, WT31, UCHT1, 7D6 및 Leu-4가 CD3-엡실론 쇄로 단일 형질감염된 세포에 결합하지 못함을 발견하였다. 그러나, 이 항체들은 CD3 엡실론과 CD3 감마 또는 CD3 델타의 조합물로 이중 형질감염된 세포를 염색시켰다(상기 문헌(Tunnacliffe); 문헌(Law, Int. Immunol. 14 (2002), 389-400); 문헌(Salmeron, J. Immunol. 147 (1991), 3047-52); 및 문헌(Coulie, Eur. J. Immunol. 21 (1991), 1703-9)). 보다 작은 제2 군에서, 입체구조적 에피토프는 CD3 엡실론 서브유니트 자체 내에서 형성된다. 이 군의 일원은 예를 들어, 변성된 CD3 엡실론에 대해 생성된 mAb APA 1/1이다(Risueno, Blood 106 (2005), 601-8). 또한, 당분야에 공지된 CD3 엡실론 항체들 중 대다수는 CD3의 2개 이상의 서브유니트 상에 위치한 입체구조적 에피토프를 인식한다. 이 에피토프의 삼차원 구조를 형성하는 분산된 아미노산 잔기는 CD3 엡실론 서브유니트 자체 또는 CD3 엡실론 서브유니트 및 다른 CD3 서브유니트, 예컨대, CD3 감마 또는 CD3 델타 상에 위치할 수 있다.

[0007] CD3 항체에 대한 또 다른 문제점은 많은 CD3 항체가 종-특이성을 나타내는 것으로 밝혀졌다는 점이다. 항-CD3 단일클론 항체는 임의의 다른 단일클론 항체들에 대해 일반적으로 공지되어 있는 바와 같이 그의 표적 분자의 고도로 특이적인 인식을 통해 작용한다. 항-CD3 단일클론 항체는 그의 표적 CD3 분자 상의 단일 부위 또는 에피토프만을 인식한다. 예를 들어, CD3 결합체에 대한 특이성을 나타내는 가장 널리 사용되고 가장 잘 특징규명된 단일클론 항체 중 하나는 OKT3이다. 이 항체는 침팬지 CD3과 반응하지만 다른 영장류, 예컨대, 짧은꼬리 원숭이의 CD3 상동체(homolog) 또는 개 CD3과는 반응하지 않는다(Sandusky et al., J. Med. Primatol. 15 (1986), 441-451). 유사하게, 국제특허출원 공개 제WO2005/118635호 또는 제WO2007/033230호에는 인간 CD3 엡실론과 반응하나 마우스, 래트, 토끼 또는 비-침팬지 영장류, 예컨대, 붉은털 원숭이, 시아노몰구스 원숭이 또는 개코 원숭이의 CD3 엡실론과는 반응하지 않는 인간 단일클론 CD3 엡실론 항체가 기재되어 있다. 항-CD3 단일클론 항체 UCHT-1은 침팬지의 CD3과도 반응하지만 짧은꼬리 원숭이의 CD3과는 반응하지 않는다(자체 데이터). 다른 한편으로, 짧은꼬리 원숭이 항원을 인식하나 그의 인간 대응물을 인식하지 않는 단일클론 항체의 예도 존재한다. 이 군의 일례는 짧은꼬리 원숭이의 CD3에 대한 단일클론 항체 FN-18이다(Uda et al., J. Med. Primatol. 30 (2001), 141-147). 흥미롭게도, 시아노몰구스 원숭이의 약 12%로부터 유래된 말초 림프구가 짧은꼬리 원숭이의 CD3 항원의 다형성 때문에 항-붉은털 원숭이 CD3 단일클론 항체(FN-18)와의 반응성을 결여한 것을 밝혀졌다. 문헌(Uda et al., J Med Primatol. 32 (2003), 105-10; Uda et al., J Med Primatol. 33 (2004), 34-7)은 FN-18 항체와 반응하는 동물로부터 유래된 CD3과 비교할 때 FN-18 항체와 반응하지 않는 시아노몰구스 원숭이의 CD3 서열에서 2개의 아미노산의 치환이 존재한다고 기술하고 있다.

[0008] 일반적으로 CD3 단일클론 항체(및 이의 단편)뿐만 아니라 단일클론 항체에 내재하는 식별 능력, 즉 종-특이성은 상기 단일클론 항체가 인간 질환의 치료를 위한 치료제로서 개발되는 데 있어서 상당한 방해가 된다. 임의의 새로운 후보 약제가 시판 승인을 받기 위해서는 철저한 시험을 통과해야 한다. 이 시험은 임상전 주기 및 임상 주기로 분류될 수 있다: 임상 주기는 일반적으로 공지된 임상 주기 I, II 및 III으로 더 분류되고 인간 환자에서 수행되는 반면, 임상전 주기는 동물에서 수행된다. 임상전 시험의 목적은 후보 약제가 원하는 활성을 나타내고 가장 중요하게는 안전함을 입증하는 것이다. 후보 약제가 동물에서 안전하고 효능을 나타낼 가능성이 임상전 시험에서 일단 확립되면, 이 후보 약제는 각각의 규제 관청에 의해 임상 시험에 대해 승인을 받을 것이다. 후보 약제는 하기 3종의 방법으로 동물에서 안전성에 대해 시험될 수 있다: (i) 관련 종, 즉 후보 약제가 오르토로그(ortholog) 항원을 인식할 수 있는 종에서의 시험, (ii) 인간 항원을 함유하는 형질전환 동물에서의

시험, 및 (iii) 동물에 존재하는 오르토로그 항원에 결합할 수 있는 후보 약제의 대체물질을 사용한 시험. 형질전환 동물의 한계는 이 기술이 전형적으로 설치류로 한정된다는 점이다. 설치류와 인간 사이에는 생리학적 면에서 상당한 차이가 있고, 안전성 결과는 외삽법에 의해 인간에 대해 용이하게 추정될 수 없다. 후보 약제의 대체물질의 한계는 실제 후보 약제와 비교할 때 물질의 상이한 조성이고, 종종 사용된 동물은 전술된 바와 같이 설치류로 한정된다. 따라서, 설치류에서 수득된 임상전 데이터는 후보 약제에 대한 제한된 예측력을 가진다. 안전성 시험을 위한 선택가능한 방법은 관련 종, 바람직하게는 하등의 영장류의 사용이다. 현재 당분야에 공지된, 인간에서 치료 물질로서 사용되기에 적합한 단일클론 항체의 한계는 관련 종이 고등 영장류, 특히 침팬지라는 점이다. 침팬지는 멸종될 위기에 처한 종으로 간주되고 이들의 인간-유사 성질로 인해 약제 안전성 시험에 대한 이 동물의 사용은 유럽에서 금지되어 있고 매우 제한된 다른 장소에서만 가능하다. CD3은 세포독성 T 세포를 병든 세포로 다시 향하게 하여 각각의 유기체로부터 병든 세포를 제거하기 위한 이중특이적 단일쇄 항체에 대한 표적으로도 성공적으로 사용되고 있다(국제특허출원 공개 제WO 99/54440호 및 제WO 04/106380호 참조). 예를 들어, 문헌(Bargou et al., Science 321 (2008): 974-7)은 암세포의 용해를 위해 인간 환자에서 모든 세포독성 T 세포를 동원하는 잠재력을 가진 블리나투모마브(blinatumomab)로 지칭되는 CD19xCD3 이중특이적 항체 구축물의 임상 활성에 대해 최근에 보고한 바 있다. 비-호지킨스 림프종 환자에서 1일 당 ㎡ 당 0.005 mg만큼 적은 투여량이 혈액 중의 표적 세포를 제거하였다. 부분적 종양 제거 및 완전한 종양 제거는 0.015 mg의 투여량에서 가장 먼저 관찰되었고, 0.06 mg의 투여량으로 치료받은 7명의 환자 모두가 종양 제거를 경험하였다. 또한, 블리나투모마브는 골수 및 간으로부터 종양 세포를 제거하였다. 이 연구가 혈액-세포 유래의 암을 치료하는 데 있어서 이중특이적 단일쇄 항체 포맷의 치료 효능에 대한 개념의 임상적 증거를 확립하였지만, 다른 종류의 암의 성공적인 치료 수단이 여전히 필요하다.

[0009] 2008년, 미국에서 186,320명의 남성들이 전립선암으로 새로 진단받는 것으로 추정되고 있고, 약 28,660명이 상기 질환으로 사망하는 것으로 추정되고 있다. 암 사망률에 대한 이용가능한 최신 보고는 2004년 미국 남성들 중에서 전립선암의 총 사망률은 100,000명당 25%이었다. 1980년대 후반기에서, 전립선-특이적 항원(PSA) 시험의 광범위한 채택은 전립선암의 관리에 있어서 주된 개선을 대표하였다. 이 시험은 전립선암 환자에서 종종 상승되어 있는 혈액 중의 PSA 단백질의 양을 측정한다. 1986년, 미국 식품의약청은 전립선암 환자를 모니터링하기 위한 PSA 시험의 이용을 승인하였고, 1994년 이 질환에 대한 스크리닝 시험으로서 PSA 시험의 이용을 추가로 승인하였다. 미국에서 PSA 시험의 광범위한 실시로 인해, 모든 전립선암의 약 90%가 현재 초기에 진단되고, 그 결과 남성들이 진단 후 더 오래 생존하고 있다. 그러나, 진행되고 있는 2종의 임상 시험의 결과, 즉 NCI로부터 지원받는 전립선, 폐, 결장직장 및 난소(PLCO) 스크리닝 시험 및 유럽 전립선암 스크리닝 연구(ERSPC)가 PSA 스크리닝이 실제로 생명을 연장시키는 지를 확인하기 위해 요구될 것이다. 지난 25년에 걸친 진행중인 임상 시험은 전립선암의 예방에 있어서 천연 화합물 및 합성 화합물의 효능을 연구하였다. 예를 들어, 거의 19,000명의 건강한 남성들이 등록된 전립선암 예방 시험(PCPT)은 전립선의 비암성 팽창인 양성 전립선 비대증(BPH)의 치료에 대해 승인된 약제인 피나스테라이드(finasteride)가 전립선암의 발생 위험을 25%까지 감소시킴을 발견하였다. 또 다른 시험인 셀레늄 및 비타민 E 암 예방 시험(SELECT)은 셀레늄 및 비타민 E의 매일 보충이 건강한 남성에서 전립선암의 발생률을 감소시킬 수 있는 지를 확인하기 위해 35,000명 이상의 남성들에 대해 연구를 진행하고 있다. 다른 전립선암 예방 시험은 멀티비타민, 비타민 C 및 D, 대두, 녹차, 및 토마토에서 발견되는 천연 화합물인 라이코펜의 보호 잠재력을 현재 평가하고 있다. 2005년에 보고된 한 연구는 특정 유전자들이 분석될 전립선 종양들의 60 내지 80%에서 융합되어 있음을 보였다. 이 연구는 전립선암에서 비-무작위 유전자 재배열의 최초 관찰이다. 이 유전적 변이는 궁극적으로 진단 및 가능하게는 이 질환의 치료를 보조하는 생체마커로서 사용될 수 있다. 다른 연구는 8번 염색체의 특정 영역에 존재하는 유전적 변이가 남성의 전립선암 발생 위험을 증가시킬 수 있음을 보였다. 이 유전적 변이는 백인 남성에서 발생하는 전립선암의 약 25%의 원인이 된다. 상기 유전적 변이는 전립선암 발생 위험을 증가시키고 과학자들이 이 질환의 유전적 원인을 더 잘 이해할 수 있도록 도와줄 수 있는 최초로 검증된 유전적 변이이다. 환자의 혈액에서 순환하는 단백질들이 전립선암 및 다른 암의 진단을 개선하는 데 있어서 어떻게 이용될 수 있는 지를 조사하는 연구도 진행되고 있다. 2005년, 과학자들은 전립선 종양에 반응하여 환자의 면역 시스템에 의해 생성되는 특정 단백질들의 군을 확인하였다. 일종의 자가항체인 이 단백질들은 90% 초과의 정확도로 혈액 표본 중의 전립선암 세포의 존재를 검출할 수 있었다. PSA와 함께 사용될 때, 이 혈액 단백질들 및 다른 혈액 단백질들은 궁극적으로 PSA 시험만으로 얻은 다수의 거짓 양성 결과를 감소시켜, 거짓 양성 PSA 시험 결과로 인해 매년 수행되는 다수의 비필수적인 전립선 생검을 감소시키는 데 사용될 수 있다.

[0010] PSA와는 별도로 예를 들어, 전립선의 6개-경막 상피 항원(STEAP)(Hubert et al., PNAS 96 (1999), 14523-14528), 전립선-특이적 막 항원(PSM/PSMA)(Israeli et al., Cancer Res. 53 (1993), 227-230) 및 전립선 줄기

세포 항원(PSCA)(Reiter et al., Proc. Nat. Acad. Sci. 95: 1735-1740, 1998)을 포함하는 전립선암에 대한 여러 다른 표지가 확인되었다. 전립선 줄기 세포 항원(PSCA)은 LAPC-4 전립선 이종이식 모델에서 암 진행 과정 동안 상향조절된 유전자를 찾을 때 최초로 확인된 123개 아미노산으로 구성된 단백질이다(상기 문헌(Reiter et al.) 참조). Thy-1/Ly-6 표면 항원의 패밀리(family)에 속하는 글리코실 포스파티딜이노시톨-고착된 세포-표면 단백질이다. PSCA는 줄기 세포 항원 2형에 대해 30%의 상동성을 나타낸다. PSCA의 기능이 밝혀지지 않았지만, PSCA의 상동체는 다양한 활성을 나타내고 그 자체가 암발생에 관여한다. 줄기 세포 항원 2형은 미성숙 흉선세포에서 아폽토시스를 방지하는 것으로 밝혀졌다(Classon and Coverdale, PNAS 91 (1994), 5296-5300). Thy-1은 src 티로신 카이네이즈를 통한 신호전달을 통해 T 세포를 활성화시킨다(Amoui et al., Eur. J. Immunol. 27 (1997), 1881-86). Ly-6 유전자는 종양발생 및 세포 부착에 관여한다(Schrijvers et al., Exp. Cell. Res. 196 (1991), 264-69). 초기 메신저 RNA 연구 및 후속 단일클론 항체(mAb) 염색은 PSCA가 정상 전립선 세포 및 악성 전립선 세포의 세포 표면 상에서 발현된다(Reiter et al., loc. cit.; Gu et al., Oncogene 19 (2000), 1288-96; Ross et al., Cancer Res. 62 (2002), 2546-53). 정상적인 전립선에서, PSCA mRNA는 기저 세포 및 분비 세포의 하위세트에서 검출되었다. 전립선 암종에서, PSCA mRNA 발현은 일차 암의 약 50 내지 80%에서 검출되었고 전이성 암의 약 70%에서 검출되었다(상기 문헌(Reiter et al.) 참조). 면역조직화학은 112개의 일차 전립선암, 및 골로 전이된 9개의 전립선암에 대해 보고되었다(문헌(Gu et al.) 참조). PSCA 발현은 임상적으로 국한된 전립선암의 94%에서 검출되었고 임상적으로 국한된 전립선암의 40%에서 과발현되었다. 고도의 PSCA 단백질 발현도 조사된 9개의 전립선암 골 전이 중 9개 모두에서 검출되었다. PSCA는 전립선 외부에서 이행 상피, 몇몇 신장 집합관, 위의 신경내분비 세포 및 태반 융모에서 검출된다. 중요하게는, 최근 연구는 췌장암, 및 침윤성 및 비-침윤성 이행 세포 암종의 대다수에서 PSCA의 과발현을 보고하였다(Amara et al., Cancer Res. 61 (2001), 4660-4665; Argani et al., Cancer Res. 61 (2001), 4320-24). 다양한 암의 상당한 비율에서 PSCA의 세포 표면 발현 및 과발현으로 인해, PSCA는 암에서 치료 방법의 표적으로서 논의되어 왔다. 그러나, 추후 임상적인 상관관계가 이 가능성을 입증하는 데 필요할 것이다.

[0011] 특정 CD 항원의 발현은 특이적 계통의 림프조혈 세포로 매우 한정되어 있고 지난 수년에 걸쳐 림프구-특이적 항원에 대해 유도된 항체들이 시험관내 모델 또는 동물 모델에서 효과적인 치료법을 개발하는 데 사용되어 왔다. 이와 관련하여, CD19는 매우 유용한 표적임이 입증되었다. CD19는 전구 B 세포부터 성숙 B 세포까지 전체 B 계통에서 발현되고, 분비되지 않으며, 림프종 세포 상에 균일하게 발현되고, 줄기 세포에 존재하지 않는다(Haagen, Clin Exp Immunol 90 (1992), 368-75, 14; Uckun, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 (1988), 8603-7). CD19는 일부 B 세포 매개 질환, 예컨대, 다양한 형태의 비-호지킨 림프종, B 세포 매개된 자가면역 질환 또는 B 세포 소모의 발생에 관여하였다.

[0012] 다수의 종류의 인간 암의 진행 및 전이에 관여하는 분자에 대한 추가 예는 간세포 성장 인자 수용체 MET(c-MET)이다. 간세포 성장 인자(HGF) 및 스캐터(Scatter Factor)(SF)에 대한 수용체 티로신 카이네이즈(RTK)를 코딩하는 MET 종양유전자(oncogene)는 세포 생장, 침윤 및 아폽토시스로부터의 보호를 야기하는 유전적 프로그램을 조절한다. MET의 탈조절된 활성화는 종양발생 성질의 획득뿐만 아니라 침윤성 표현형의 달성에도 중요하다(Trusolino, L. & Comoglio, P. M. (2002) Nat. Rev. Cancer 2, 289-300). 인간 종양에서 MET의 역할은 여러 실험 방법으로부터 확인되었고 유전되는 형태의 암종에서 MET-활성화 돌연변이의 발견에 의해 명백히 입증되었다(Schmidt et al., Nat. Genet. 16 (1997), 68-73; Kim et al., J. Med. Genet. 40 (2003), e97). MET 구성적 활성화는 산발성 암에서 빈번하고, 여러 연구는 MET 종양유전자가 특이적 조직형(histotype)의 종양에서 과발현되거나 자가분비 기작을 통해 활성화된다(목록은 웹사이트(http://www.vai.org/met/)를 참조). 뿐만 아니라, MET 유전자는 결장직장암종의 혈행 전이에서 증폭된다(Di Renzo et al., Clin. Cancer Res. 1 (1995), 147-154). 상피세포의 세포간 해리를 유도하는 능력을 가진, 섬유모세포에 의해 배양물 중으로 분비되는 스캐터 인자(SF), 및 급성 간 부전 환자의 혈소판 또는 혈액으로부터 유도된 배양물 중의 간세포에 대한 강력한 유사분열촉진제인 간세포 성장 인자(HGF)는 동일한 분자인 것으로 판명된 Met 리간드로서 독립적으로 확인되었다. Met 및 SF/HGF는 다양한 조직에서 광범위하게 발현된다. Met(수용체)의 발현은 일반적으로 상피 유래의 세포에 국한되어 있지만, SF/HGF(리간드)의 발현은 중간엽 유래의 세포로 국한된다.

[0013] Met는 단일쇄 전구체로서 생성된 경막 단백질이다. 상기 전구체는 푸린(furin) 부위에서 단백질분해효소에 의해 절단되어 50 kd의 고도로 글리코실화된 전체적으로 세포외 영역인 α-서브유니트, 및 큰 세포외 영역(리간드 결합에 관여함), 막 횡단 분절 및 세포내 영역(촉매 활성을 보유함)을 가진 145 kd의 β-서브유니트를 생성한다(Giordano (1989) 339: 155-156). α 쇄와 β 쇄는 이황화 결합에 의해 결합되어 있다. Met의 세포외 부분은 세마포린(semaphorin)(Met의 전장 α 쇄 및 β 쇄의 N-말단 부분을 포함하는 세마(Sema) 도메인), 시스테인-풍부 Met 관련 서열(MRS)에 이어서 글리신프롤린-풍부(G-P) 반복부, 및 4개의 면역글로불린-유사 구조에 대해 상

동성을 나타내는 영역을 포함한다(Birchmeier et al., Nature Rev. 4 (2003), 915-25). Met의 세포내 영역은 3개의 영역을 포함한다: (1) (a) 단백질 카이네이즈 C 또는 Ca^{2+} 카모듈린-의존성 카이네이즈에 의해 인산화된 경우 수용체 카이네이즈 활성을 하향조절하는 세린 잔기(Ser985); 및 (b) Met 폴리유비퀴틴화(polyubiquitination), 세포내이입(endocytosis) 및 분해를 담당하는 유비퀴틴 라이게이즈(ubiquitin ligase) Cbl에 결합하는 티로신(Tyr1003)(Peschard et al., Mol. Cell 8 (2001), 995-1004)을 함유하는 막근접(juxtamembrane) 분절; (2) 수용체 활성화 시 Tyr1234 및 Tyr1235 상에서 트랜스인지질화가 일어나는 티로신 카이네이즈 도메인; 및 (3) Src 상동성-2(SH2) 도메인 Met 수용체를 함유하는 여러 다운스트림 어답터(adaptor)를 동원할 수 있는 다중기질 도킹(docking) 부위를 대표하는 축퇴 모티프에 삽입된 2개의 중요한 티로신(Tyr1349 및 Tyr1356)을 함유하는 C-말단 영역(대다수의 수용체 티로신 카이네이즈(RTK)는 상이한 티로신을 사용하여 특이적 신호전달 분자에 결합함). 도킹 부위의 2개의 티로신이 시험관내 및 생체내 둘다에서 신호 전달 도입에 필수적이고 충분함이 입증되었다(Maina et al., Cell 87 (1996), 531-542; Ponzetto et al., Cell 77 (1994), 261-71).

[0014] 강력하고 선별적인 임상전 후보 약제를 c-MET를 사용하여 종양 표적으로서 개발하였다 하더라도, 후속 임상 시험을 통해 이 약제가 실제로 안전한 지 및 인간에서 치료 효능을 보이는 지를 밝혀야 한다. 이 불확실성에 비추어, 새로운 암 치료 수단이 여전히 필요하다.

[0015] 암은 2005년 85세 미만의 미국인들의 최고 사망 원인으로서 심장 질환을 앞질렀다. 오늘날, 암은 독일에서 사망의 두 번째 주요 원인으로서 심혈관 질환 다음으로 높다. 심혈관 질환에 대해 달성된 해결책에 필적한만한 철저한 해결책이 향후 수년 이내에 암 예방에서 달성되지 않는다면, 암은 15 내지 20년 이내에 독일에서 암의 주요 원인이 될 것이다. 종양 혈관신생의 억제는 지난 수년 동안 임상의 및 암 연구 과학자들 사이에서 많은 흥미를 불러 일으킨 항암 요법 중 하나이다. 이 연구 노력 과정에서, 여러 종양 내피 마커가 확인되었다. 종양 내피 마커(TEM), 예컨대, 엔도시알린(TEM1 또는 CD248)은 종양 혈관신생 과정 동안에 과발현된다(St. Croix et al., Science 289 (2000), 1197-1202). 종양 내피 마커의 기능이 지금까지 상세히 특징규명되지 않았다는 사실에도 불구하고, 상기 종양 내피 마커가 발생중인 배아 및 종양 연구에서 혈관 내피 세포 상에서 강하게 발현됨이 잘 확립되어 있다(Carson-Walter et al., Cancer Res. 61: 6649-6655, 2001). 따라서, 165 kDa의 I형 경막 단백질인 엔도시알린은 광범위한 인간 암에서 종양 혈관 내피의 세포 표면 상에서 발현되지만 많은 정상 조직에서 혈관 또는 다른 종류의 세포에서는 검출되지 않는다. 신호 리더 펩티드, 5개의 구형 세포외 도메인(C형 렉틴 도메인, 스시(Sushi)/ccp/scr 패턴과 유사한 1개의 도메인 및 3개의 EGF 반복부를 포함함), 뮤신(mucin)-유사 영역, 경막 분절 및 짧은 세포질 꼬리로 구성된 757개의 아미노산으로 구성된 C형 렉틴-유사 분자이다(Christian et al., J. Biol. Chem. 276: 7408-7414, 2001). 엔도시알린 코어 단백질은 풍부하게 시알릴레이트화된 O-결합된 올리고사카라이드를 보유하고 O-시알로당단백질 엔도펩티데이즈에 대한 감수성을 나타내므로 시알로뮤신-유사 분자 군에 속한다. 엔도시알린의 N-말단 360개 아미노산은 혈액 응고의 조절에 관여하는 수용체인 트롬보모듈린 및 보체 수용체 C1qRp에 대한 상동성을 보인다. 이 구조적 관계는 종양 내피 수용체로서 엔도시알린에 대한 기능을 암시한다. 엔도시알린 mRNA가 정상 인간 및 뮤린 체세포 조직에서 내피 세포 상에서 편재되어 발현되지만, 엔도시알린 단백질은 황체 및 고도의 혈관신생성 조직, 예컨대, 상처 또는 종양의 치유 과립 조직에 주로 국한되어 있다(Opavsky et al., J. Biol. Chem. 276 (2001, 38795-38807; Rettig et al., PNAS 89 (1992), 10832-36). 엔도시알린 단백질 발현은 암종(유방, 신장, 폐, 결장직장, 결장, 췌장, 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세종)의 종양 내피 세포 상에서 상향조절된다(상기 문헌(Rettig et al.) 참조). 또한, 엔도시알린은 종양 간질 섬유모세포의 서브세트 상에서 낮은 수준으로 발현된다(Brady et al., J. Neuropathol. Exp. Neurol. 63 (2004), 1274-83; 상기 문헌(Opavsky et al.)). 엔도시알린은 그의 제한된 정상 조직 분포 및 많은 종류의 고체 종양의 종양 내피 세포 상에서의 풍부한 발현으로 인해 암의 항체-기재 항혈관신생성 치료 방법에 대한 표적으로서 논의되고 있다. 그러나, 현재까지 엔도시알린을 종양 내피 표적으로 사용하는 효과적인 치료 방법은 없다.

[0016] 인간 선암종 및 여러 편평 세포 암종 세포의 대다수 상에서 매우 빈번히 고도로 발현되는 분자는 EpCAM(CD326)이다(Went et al., Br. J. Cancer 94 (2006), 128-135). 최근 연구는 EpCAM이 원-종양유전자 c-Myc 및 사이클린의 핵 발현을 상향조절할 수 있는 신호전달 분자임을 밝혔다(Munz et al., Oncogene 23 (2004), 5748-58). EpCAM은 휴지 세포에서 과발현되는 경우, EpCAM은 종양유전자 단백질의 특징인 연질 아가에서 세포 증식, 성장인자 독립 및 콜로니 생장을 유도한다. EpCAM 발현이 유방암 세포에서 작은 간섭 RNA(siRNA)에 의해 넉다운될 때, 유방암 세포는 증식, 이동 및 침윤을 멈춘다(Osta et al., Cancer Res. 64 (2004), 5818-24). EpCAM의 이 종양유전성 신호전달은 EpCAM 과발현이 유방암 및 난소암을 포함하는 다수의 인간 악성 종양에서 낮은 총 생존

률과 상관관계를 보이는 이유를 설명할 수 있다(Spizzo et al., Gynecol. Oncol. 103 (2006), 483-8). EpCAM은 인간 항체(Oberneder et al., Eur. J. Cancer 42 (2006), 2530-8) 및 EpCAMxCD3 단일쇄 이중특이적 항체(MT110)를 포함하는 여러 항체-기재 치료 방법에서 표적 항원으로서 사용되고 있다. MT110의 특징은 최근에 문헌(Brischwein et al., 43 (2006), 1129-43)에 상세히 기재되어 있다. 이 항체는 표적 항원을 발현하는 다양한 인간 암종 세포주에 대한 활성을 나타내고 안전성 및 효능의 초기 신호에 대해 I 기 연구에서 현재 시험되고 있다.

[0017] 보다 구체적으로, 암은 2005년 85세 미만의 미국인들의 최고 사망 원인으로서 심장 질환을 앞질렀다. 오늘날, 암은 독일에서 사망의 두 번째 주요 원인으로서 심혈관 질환 다음으로 높다. 심혈관 질환에 대해 달성된 해결책에 필적한만한 철저한 해결책이 향후 수년 이내에 암 예방에서 달성되지 않는다면, 암은 15 내지 20년 이내에 독일에서 암의 주요 원인이 될 것이다. 100종 초과의 다양한 암들 중에서, 상피암은 독일에서 암 사망의 주요 원인이다. 상피암에서, 정상 조직 내로의 악성 상피 세포의 침윤 및 전이는 표적 기관의 중간엽-유래된 지지 간질에서의 적응 변화를 동반한다. 이 비-형질전환된 간질 세포에서 변경된 유전자 발현은 치료에 대한 잠재적인 표적을 제공하는 것으로 논의되고 있다. 세포 표면 단백질분해효소 섬유모세포 활성화 단백질 α(FAPα)는 활성화된 종양 섬유모세포의 표적에 대한 일례이다. 섬유모세포 활성화 단백질 알파는 원래 배양된 섬유모세포에서 단일클론 항체 F19를 사용하여 확인한 유도성 세포 표면 당단백질이다. 면역화학적 연구는 FAPα가 일부 정상 태아 중간엽 조직에서 일시적으로 발현되지만 악성 상피 세포, 신경 세포 및 조혈 세포뿐만 아니라 정상적인 성인 조직도 일반적으로 FAPα-음성을 나타냄을 밝혔다. 그러나, 평범한 종류의 상피 암들 중 대다수는 풍부한 FAPα-반응성 간질 섬유모세포를 함유한다. 문헌(Scanlan et al., Proc. Nat. Acad. Sci. 91: 5657-5661, 1994)에서는 항체 F19를 사용한 면역선별을 통해 WI-38 인간 섬유모세포 cDNA 발현 라이브러리로부터 FAPα cDNA를 클로닝하였다. 예측된 760개 아미노산으로 구성된 인간 FAPα 단백질은 6개의 N-글리코실화 부위, 13개의 시스테인 잔기, 및 세린 단백질분해효소의 고도로 보존된 촉매 도메인에 상응하는 3개 분절을 함유하는 큰 C-말단 세포외 도메인; 소수성 경막 분절; 및 짧은 세포질 꼬리를 가진 II형 통합성 막 단백질이다. FAPα는 디펩티딜 펩티데이즈 IV(DPP4)와 48% 아미노산 동일성을 보이고 DPP4-관련 단백질(DPPX)과 30% 아미노산 동일성을 보인다. 노던 블롯 분석은 섬유모세포에서 2.8-kb FAPα mRNA를 검출하였다. 세프레이즈(Seprase)는 인간 흑색종 및 암종 세포의 침윤과 상관관계를 가진 발현을 보이는 170 kD 통합성 막 젤라티네이즈(gelatinase)이다. 문헌(Goldstein et al., Biochim. Biophys. Acta 1361: 11-19, 1997)의 저자들은 상응하는 세프레이즈 cDNA를 클로닝하고 특징규명하였다. 상기 문헌의 저자들은 세프레이즈와 FAPα가 동일한 단백질이자 동일한 유전자의 생성물임을 발견하였다. 문헌(Pineiro-Sanchez et al., J. Biol. Chem. 272: 7595-7601, 1997)의 저자들은 세프레이즈/FAPα 단백질을 인간 흑색종 LOX 세포의 세포막 및 분리된 소포체(vesicle)로부터 단리하였다. 세린 단백질분해효소 억제제는 세프레이즈/FAPα의 젤라티네이즈 활성을 차단하였는데, 이것은 세프레이즈/FAPα가 촉매 활성 세린 잔기를 함유함을 암시한다. 상기 문헌의 저자들은 세프레이즈/FAPα가 단백질분해적 불활성을 나타내는 N-글리코실화된 97 kD의 단량체 서브유니트로 구성된다. 이들은 세프레이즈/FAPα의 단백질분해 활성이 서브유니트 결합에 의존한다는 점에서 세프레이즈/FAPα가 DPP4와 유사하다는 결론을 내렸다. 젤라틴 및 열-변성된 I형 및 IV형 콜라겐의 분해 활성으로 인해, 암의 세포외 매트릭스 리모델링, 종양 생장 및 전이에서 세프레이즈/FAPα의 역할이 암시되었다. 뿐만 아니라, 세프레이즈/FAPα는 정상 조직에서 제한된 발현 패턴을 보이고 많은 악성 종양의 지지 간질에서 균일한 발현을 보인다. 따라서, 세프레이즈/FAPα는 인간 상피암의 면역요법에 대한 종양 간질 표적화 개념을 조사하기 위한 표적으로서 사용될 수 있다. 그러나, 여러 임상 시험이 종양 항원 표적으로서 세프레이즈/FAPα의 역할을 조사하기 위해 시작되었지만, 현재까지 세프레이즈/FAPα 효소 활성의 보편적인 면역요법 또는 억제는 치료 효능을 나타내지 않았다(예를 들어, 문헌(Welt et al., J. Clin. Oncol. 12:1193-203, 1994; Narra et al., Cancer Biol. Ther. 6, 1691-9, 2007; Henry et al., Clinical Cancer Research 13, 1736-1741, 2007) 참조).

[0018] *인슐린-유사 성장 인자 I 수용체(IGF-IR 또는 IGF-1R)는 인슐린 수용체 IR에 대해 70% 상동성을 나타내는 티로신 카이네이즈 활성을 보이는 수용체이다. IGF-1R은 분자량이 약 350,000인 당단백질이다. IGF-1R은 세포외 알파-서브유니트 및 경막 베타-서브유니트로 구성된 이종-사량체성 수용체(상기 사량체 중 각각의 절반으 이황화 가교에 의해 결합됨)이다. IGF-1R은 매우 높은 친화성으로 IGF-1 및 IGF-2에 결합하지만 100 내지 1000배 더 낮은 친화성을 인슐린에 동등하게 결합할 수 있다. 역으로, ICF는 100배 더 낮은 친화성으로 인슐린 수용체에 결합하지만 1R은 매우 높은 친화성으로 인슐린에 결합한다. 보다 약한 상동성 영역 각각이 알파-서브유니트 및 베타-서브유니트의 C-말단 부분에 위치한 시스테인-풍부 영역이지만 IGF-1R 및 1R의 티로신 카이네이즈 도메인은 매우 높은 서열 상동성을 보인다. 알파-서브유니트에서 관찰된 서열 차이는 리간드의 결합 영역에 위치하므로 IGF 및 인슐린 각각에 대해 IGF-1R 및 1R의 상대적인 친화성의 원인이 된다. 베타-서브유니트의 C-말단

부분의 차이는 상기 2종의 수용체의 신호전달 경로에서 차이를 초래한다(즉, IGF-1R은 유사분열, 분화 및 항아폽토시스 효과를 매개하는 반면, IR의 활성화는 주로 대사 경로의 수준에서 효과를 수반함)(Baserga et al., Biochim. Biophys. Acta, 1332: F105-126, 1997; Baserga R., Exp. Cell. Res., 253:1-6, 1999). 세포질 티로신 카이네이즈 단백질은 수용체의 세포외 도메인과 리간드의 결합에 의해 활성화된다. 상기 카이네이즈의 활성화는 IRS-1, IRS-2, Shc 및 Grb 10을 포함하는 다양한 세포내 기질의 자극을 수반한다(Peruzzi F. et al., J. Cancer Res. Clin. Oncol., 125:166-173, 1999). IGF-IR의 2종의 주요 기질은 다수의 이펙터 다운스트림의 활성화를 통해 IGF와 이의 수용체의 결합과 관련된 생장 및 분화 효과의 대부분을 매개하는 IRS 및 Shc이다. 따라서, 기질의 이용가능성은 IGF-1R의 활성화와 관련된 최종 생물학적 효과를 표시할 수 있다. IRS-1이 우세한 경우, 세포는 증식되고 형질전환되는 경향을 보인다. Shc가 우세한 경우, 세포는 분화되는 경향을 보인다(Valentinis B. et al.; J. Biol. Chem. 274:12423-12430, 1999). 아폽토시스에 대한 보호 효과에 주로 관여하는 경로는 포스파티딜-이노시톨 3-카이네이즈(PI 3-카이네이즈) 경로인 듯하다(Prisco M. et al., Horm. Metab. Res., 31:80-89, 1999; Peruzzi F. et al., J. Cancer Res. Clin. Oncol., 125:166-173, 1999). 암발생에 있어서 IGF 시스템의 역할은 최근 10년 동안 집중적인 연구의 대상이었다. 이러한 관심으로 인해 IGF-1R의 유사분열촉진 및 항아폽토시스 성질 이외에 IGF-1R이 형질전환된 표현형의 확립 및 유지에 필요할 것이라는 사실을 발견하였다. 사실상, 매우 다양한 세포에서 IGF-1R의 과발현 또는 구성적 활성화는 태아 소 혈청 무함유 배지에서 지지와 상관없는 세포의 생장 및 누드 마우스에서 종양의 형성을 초래한다는 사실이 잘 확립되었다. 이것은 그 자체가 독특한 성질은 아닌데, 이는 과발현된 유전자의 매우 다양한 생성물들(다수의 성장 인자의 수용체를 포함함)이 세포를 형질전환시킬 수 있기 때문이다. 그러나, 형질전환에서 IGF-1R이 수행하는 주된 역학을 명확히 입증하는 중요한 발견은 IGF-1R을 코딩하는 유전자가 불활성화된 R-세포가 통상적으로 세포를 형질전환시킬 수 있는 다양한 물질(예컨대, 소 유두종 바이러스, EGFR 또는 PDGFR의 과발현, SV40의 T 항원, 활성화된 ras, 또는 SV40의 T 항원과 활성화된 ras의 조합물)에 의한 형질전환에 전체적으로 불응성을 나타낸다는 사실의 입증이다(Sell C. et al., Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 90: 11217-11221, 1993; Sell C. et al., Mol. Cell. Biol., 14:3604-3612, 1994; Morrione A. J., Virol., 69:5300-5303, 1995; Coppola D. et al., Mol. Cell. Biol., 14:458a-4595, 1994; DeAngelis T et al., J. Cell. Physiol., 164:214-221, 1995). IGF-1R은 매우 다양한 종양 및 종양 세포주에서 발현되고, IGF는 IGF-1R과 결합함으로써 종양 생장을 증폭시킨다. 암유발에 있어서 IGF-IR의 역할에 대한 다른 논쟁은 상기 수용체에 대해 유도된 뮤린 단일클론 항체 또는 IGF-IR의 음성 우성 수용체를 사용한 연구로부터 나온다. 효과적으로, IGF-1R에 대해 유도된 뮤린 단일클론 항체는 배양물에서 다수의 세포주의 증식 및 생체내에서 종양 세포의 생장을 억제한다(Arteaga C. et al., Cancer Res., 49:6237-6241, 1989; Li et al., Biochem. Biophys. Res. Com., 196:92-98, 1993; Zia F et al., J. Cell. Biol., 24:269-275, 1996; Scotlandi K et al., Cancer Res., 58:4127-4131, 1998). 유사하게, 문헌(Jiang et al. (Oncogene, 18:6071-6077, 1999)의 저자들의 연구에서 IGF-1R의 음성 우성 수용체가 종양 증식을 억제할 수 있음이 밝혀졌다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0019] 암 치료 방법에 대한 신규 표적을 확인하는 데 있어서 많은 노력이 있어 왔지만, 아직까지 암은 가장 빈번하게 진단되는 질환들 중 하나이다. 이러한 점에 비추어, 효과적인 암 치료 방법이 여전히 필요하다.

과제의 해결 수단

[0020] 본 발명은 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인, 및 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, 엑손 2에 의해 코딩되는 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1, FPA 알파, IGF-IR 또는 IGF-1R로 구성된 군으로부터 선택된 항원에 결합할 수 있는 제2 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 제공하는데, 이때 상기 에피토프는 서열번호 2, 4, 6 및 8로 구성된 군에 포함된 아미노산 서열의 일부이다.

[0021] 당분야에 공지된 T 세포-동원 이중특이적 단일쇄 항체가 악성 질환의 치료에 대한 높은 치료적 잠재력을 갖지만, 이 이중특이적 분자들 중 대다수는 종-특이적이고 인간 항원 및 (아마도 유전적 유사성으로 인해) 침팬지 대응물만을 인식한다는 점에서 한계를 가진다. 본 발명의 이점은 CD3 엡실론 쇄의 인간 및 비-침팬지 영장류에 대한 종간 특이성을 나타내는 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체의 제공이다.

[0022] 놀랍게도, 본 발명에서 당분야에 공지된 CD3 엡실론의 모든 다른 공지된 에피토프와 대조적으로 CD3 결합체에서 그의 천연 환경을 벗어난 경우(및 EpCAM 또는 면역글로불린 Fc 부분과 같은 이종 아미노산 서열에 융합된 경우)

그의 삼차원 구조적 통합성을 유지하는 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 단편이 확인되었다.

[0023] 따라서, 본 발명은 인간 및 1종 이상의 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 CD3 엡실론(이때, CD3 엡실론은 T-세포에 의해(T-세포의 표면 상에 제시됨) 그의 천연 환경으로부터 벗어나고/벗어나거나 포함됨)의 세포외 도메인의 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 단편의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인, 및 PSMA에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 제공하는데, 이때 상기 에피토프는 서열번호 2, 4, 6 및 8로 구성된 군에 포함된 아미노산 서열의 일부이다. 바람직한 비-침팬지 영장류는 본원의 임의의 곳에서 언급된다. 칼리쓰릭스 자쿠스(*Callithrix jacchus*), 사귀너스 오에디퍼스(*Saguinus oedipus*), 사이미리 시우레우스(*Saimiri sciureus*) 및 마카카 파시쿨라리스(*Macaca fascicularis*)(서열번호 2225 또는 2226, 또는 이들 둘다)로 구성된 군으로부터 선택된 1종 이상의(또는 이의 선별 또는 모든) 영장류가 특히 바람직하다. 붉은털 원숭이로도 공지되어 있는 마카카 물라타(*Macaca mulatta*)도 또 다른 바람직한 영장류로서 예상된다. 따라서, 본 발명의 항체는 인간 및 칼리쓰릭스 자쿠스, 사귀너스 오에디퍼스, 사이미리 시우레우스 및 마카카 파시쿨라리스(서열번호 2225 또는 2226, 또는 이들 둘다)의 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 단편의 환경 독립적 에피토프, 및 경우에 따라 마카카 물라타에 결합하거나 결합할 수 있을 것으로 예상된다. 본원에서 정의된 제1 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체는 첨부된 실시예(특히, 실시예 2)에 기재된 프로토콜에 따라 수득되거나(수득될 수 있거나) 제조될 수 있다. 이를 위해, (a) 인간 및/또는 사이미리 시우레우스의 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 단편으로 마우스를 면역화시키는 것; (b) 면역 뮤린 항체 scFv 라이브러리를 생성하는 것; 및 (c) 적어도 서열번호 2, 4, 6 및 8에 결합하는 능력을 시험함으로써 CD3 엡실론 특이적 결합제를 확인하는 것이 예상된다.

[0024] 본 발명에서 제공된 CD3 에피토프의 환경-독립은 CD3 엡실론의 처음 27개 N-말단 아미노산 또는 이 27개 아미노산 스트레치의 기능성 단편에 상응한다. CD3 에피토프와 관련하여 본 명세서에서 사용된 "환경-독립적인"은 본 명세서에 기재된 본 발명의 결합 분자/항체 분자의 결합이 입체구조, 서열, 또는 항원성 결정인자 또는 에피토프를 둘러싸는 구조의 변화 또는 변형을 초래하지 않음을 의미한다. 대조적으로, 보편적인 CD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호 또는 제WO 04/106380호에 개시된 CD3 결합 분자)에 의해 인식되는 CD3 에피토프는 환경-독립적인 에피토프의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 C-말단에 위치한 CD3 엡실론 쇄 상에 위치하는데, 상기 CD3 에피토프는 엡실론 쇄의 나머지 부분에 묻혀 있고 엡실론 쇄와 CD3 감마 또는 델타 쇄의 이종이량체화에 의해 우측 입체장애적 위치에 존재하는 경우에만 정확한 입체구조를 가진다. 본 발명에 의해 제공되고 환경-독립적인 CD3 에피토프에 대해 발생된(및 유도된) 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 일부인 항-CD3 결합 분자/도메인은 T 세포 재분포에 대해 놀라운 임상적 개선을 제공하므로 보다 유리한 안전성 프로파일을 제공한다. 임의의 이론에 구속받고자 하는 것은 아니지만, CD3 에피토프는 환경-독립적인, CD3 결합체의 나머지 부분에 그다지 영향을 미치지 않으면서 자율적인 자가충분 서브도메인(subdomain)을 형성하기 때문에, 본 발명에 의해 제공된 CD3 결합 분자/도메인은 환경-의존적인 CD3 에피토프(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호 또는 제WO 04/106380호에 개시된 에피토프)를 인식하는 보편적인 CD3 결합 분자보다 더 경미한 CD3 입체구조의 알로스테릭(allosteric) 변화를 유도한다.

[0025] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인(PSCAxCD3, CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3)에 의해 인식되는 CD3 에피토프의 환경-독립은 상기 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 치료 개시기 동안의 보다 낮거나 전혀 없는 T 세포 재분포와 관련된다(상기 T 세포 재분포는 절대적인 T 세포 카운트의 강하 및 후속 회복의 초기 사건과 동등함). 이러한 이유로 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체는 환경-의존적인 CD3 에피토프를 인식하는, 당분야에 공지되어 있는 보편적인 CD3 결합 분자보다 보다 우수한 안전성 프로파일을 나타내게 된다. 특히, CD3 결합 분자를 사용한 치료 개시기 동안 T 세포 재분포는 불리한 이벤트, 예컨대, 불리한 CNS 이벤트에 대한 주요 위험 인자이기 때문에, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체는 환경-의존적인 CD3 에피토프보다 오히려 환경-독립적인 CD3 에피토프를 인식함으로써 당분야에 공지된 CD3 결합 분자에 비해 상당한 안전성 이점을 나타낸다. 보편적인 CD3 결합 분자를 사용한 치료의 개시기 동안 T 세포 재분포와 관련된 이러한 CNS 불리한 이벤트를 보이는 환자들은 착란 및 방향감장애를 앓고, 일부 경우 요실금을 앓는다. 착란은 환자가 그의 또는 그녀의 평상시 수준의 명석함으로 사고할 수 없는 정신 상태의 변화이다. 상기 환자는 통상적으로 집중하기 어렵고 사고가 흐릿하고 불명료할 뿐만 아니라 종종 상당히 느려진다. 통상적인 CD3 결합 분자를 사용한 치료 개시기 동안 T 세포 재분포와 관련된 불리한 CNS 이벤트를 보이는 환자는 기억 상실도 경험할 수 있다. 종종, 착란은 사람들, 장소, 시간 또는 날짜를 인식하는 능력의 상실을 초래한다. 방향감장애의 감정은 흔히 착란 상태에 있고 의사 결정 능력이 손상된다. 통상적인 CD3 결합 분

자를 사용한 치료 개시기 동안 T 세포 재분포와 관련된 불리한 CNS 이벤트는 흐릿한 언어 및/또는 단어 찾기 어려움을 추가로 포함할 수 있다. 이 장애는 언어뿐만 아니라 읽기 및 쓰기의 표현 및 이해 둘다를 손상시킬 수 있다. 요실금 이외에, 어지러움 및 현기증도 일부 환자에서 통상적인 CD3 결합 분자를 사용한 치료 개시기 동안 T 세포 재분포와 관련된 불리한 CNS 이벤트를 동반할 수 있다.

[0026] CD3 엡실론의 상기 27개 아미노산 N-말단 폴리펩티드 단편 내의 삼차원적 구조의 유지는 시험관내 N-말단 CD3 엡실론 폴리펩티드 단편에 결합할 수 있고 동일한 결합 친화성으로 생체내에서 T 세포 상의 천연 CD3 결합체(이 결합체의 CD3 엡실론 서브유니트)에 결합할 수 있는 결합 도메인, 바람직하게는 인간 결합 도메인의 발생을 위해 이용될 수 있다. 이 데이터는 본 명세서에 기재된 N-말단 단편이 정상적으로 생체내에 존재하는 그의 3차 구조와 유사한 3차 구조를 형성함을 강력히 입증한다. CD3 엡실론의 N-말단 폴리펩티드 단편의 아미노산 1 내지 27의 구조적 통합성의 중요성에 대한 매우 민감한 시험을 수행하였다. CD3 엡실론의 N-말단 폴리펩티드 단편의 아미노산 1 내지 27의 개별 아미노산을 알라닌으로 변경시켜(알라닌 스캐닝) 미미한 파괴에 대한 CD3 엡실론의 N-말단 폴리펩티드 단편의 아미노산 1 내지 27의 감수성을 시험하였다. 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 일부로서 CD3 결합 도메인을 사용하여, CD3 엡실론의 N-말단 폴리펩티드 단편의 아미노산 1 내지 27의 알라닌-돌연변이체와의 결합을 시험하였다(첨부된 실시예 5 참조). CD3 엡실론의 N-말단 폴리펩티드 단편의 N-말단에 위치한 처음 5개의 아미노산 잔기, 및 상기 단편의 아미노산 1 내지 27의 위치 23 및 25에 위치한 아미노산 중 2개의 아미노산의 개별적인 교환은 항체 분자의 결합에 있어서 중요하였다. 잔기 Q(위치 1의 글루타민), D(위치 2의 아스파르트산), G(위치 3의 글리신), N(위치 4의 아스파라긴) 및 E(위치 5의 글루탐산)를 포함하는 위치 1 내지 5의 영역 내의 아미노산을 알라닌으로 치환하면 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체, 바람직하게는 본 발명의 인간 이중특이적 단일쇄 항체와 상기 단편의 결합이 없어진다. 바람직하게는 본 발명의 인간 이중특이적 단일쇄 항체의 적어도 일부의 경우, 상기 단편의 C-말단에 위치한 2개의 아미노산 잔기 T(위치 23의 트레오닌) 및 I(위치 25의 이소류신)는 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체, 바람직하게는 인간 이중특이적 단일쇄 항체에 대한 결합 에너지를 감소시킨다.

[0027] 예기치 않게, 본 발명의 단리된 이중특이적 단일쇄 항체, 바람직하게는 인간 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론의 인간 N-말단 단편뿐만 아니라, 서반구 원숭이(마모셋, 칼리트릭스 자쿠스; 사귀너스 오에디퍼스; 사이미리 시우레우스) 및 동반구 원숭이(마카카 파시쿨라리스(시아노몰구스 원숭이로도 공지됨), 또는 마카카 물라타(붉은털 원숭이로도 공지됨)를 포함하는 다양한 영장류의 CD3 엡실론의 상응하는 상동 단편도 인식한다. 따라서, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 다중-영장류 특이성을 검출하였다. 하기 순서의 분석은 인간과 영장류가 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 N-말단에서 고도의 상동성 서열 스트레치를 공유한다. CD3 엡실론의 상기 N-말단 단편의 아미노산 서열은 서열번호 2(인간), 서열번호 4(칼리트릭스 자쿠스), 서열번호 6(사귀너스 오에디퍼스), 서열번호 8(사이미리 시우레우스), 서열번호 2225(QDGNEEMGSITQTPYQVSISGTTILTC) 또는 서열번호 2226(QDGNEEMGSITQTPYQVSISGTTVILT)(시아노몰구스 원숭이로도 공지된 마카카 파시쿨라리스) 및 서열번호 2227(QDGNEEMGSITQTPYHVSISGTTVILT)(붉은털 원숭이로도 공지된 마카카 물라타)에 기재되어 있다.

발명의 효과

[0028] 본 발명은 CD3 엡실론 쇄의 인간 및 비-침팬지 영장류에 대한 종간 특이성을 나타내는 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체를 제공한다.

[0029]

도면의 간단한 설명

[0030] 도 1은 영장류 CD3 엡실론의 N-말단 아미노산 1 내지 27과 이종 가용성 단백질의 융합을 보여준다.

도 2는 일시적으로 형질감염된 293 세포의 상청액에서 인간 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 부분 및 C-말단 6개 히스티딘 태그에 융합된 성숙 인간 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 아미노산 1 내지 27로 구성된 구축물의 존재를 검출하는 ELISA 분석에서 측정된 4개의 동일한 샘플의 평균 흡수 값을 보여준다. "27 aa huCD3E"로 표시된 제1 컬럼은 상기 구축물에 대한 평균 흡수 값을 보여주고, "irrel. SN"으로 표시된 제2 컬럼은 음성 대조군으로 사용되는 관련없는 구축물로 형질감염된 293 세포의 상청액에 대한 평균 값을 보여준다. 상기 구축물에 대해 수득된 값과 음성 대조군에 대해 수득된 값의 비교는 재조합 구축물의 존재를 명확히 입증한다.

도 3은 인간 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 부분 및 C-말단 His6 태그에 융합된 성숙 인간 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산을 포함하는 구축물에 대한 원형질막공간으로 발현된 단일쇄 항체의 미정제 제제의 형태로 종

간 특이적 항-CD3 결합 분자의 결합을 검출하는 ELISA 분석에서 측정된 4개의 동일한 샘플의 평균 흡수 값을 보여준다. 컬럼은 A2J HLP, I2C HLP E2M HLP, F7O HLP, G4H HLP, H2C HLP, E1L HLP, F12Q HLP, F6A HLP 및 H1E HLP로 명시된 특이성에 대한 평균 흡수 값을 좌측 방향부터 우측 방향으로 보여준다. "neg. contr."로 표시된 가장 우측의 컬럼은 음성 대조군으로서 뮤린 항-인간 CD3 항체의 단일쇄 제제에 대한 평균 흡수 값을 보여준다. 항-CD3 특이성에 대해 수득된 값과 음성 대조군에 대해 수득된 값의 비교는 성숙 인간 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산에 대한 항-CD3의 강한 결합 특이성을 입증한다.

도 4는 이종 막 결합 단백질에 대한 영장류 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 융합을 보여준다.

도 5는 시아노몰구스 EpCAM, 및 인간, 마모셋, 타마린, 다람쥐 원숭이 및 가축 돼지의 CD3 엡실론 쇄 각각의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 구성된 재조합 경막 융합 단백질의 존재를 검출하는 FACS 분석에 시험된 다양한 형질감염체의 막대그래프 중첩을 보여준다. 상기 막대그래프 중첩은 좌측부터 우측으로 및 위부터 아래로 인간 27머, 마모셋 27머, 타마린 27머, 다람쥐 원숭이 27머 및 돼지 27머를 각각 포함하는 구축물을 발현하는 형질감염체에 대한 결과를 보여준다. 개개의 중첩에서, 얇은 선은 음성 대조군으로서 항-플래그 M2 항체 대신에 2% FCS를 함유하는 PBS와 함께 항온처리된 샘플을 나타내고, 굵은 선은 항-플래그 M2 항체와 함께 항온처리된 샘플을 보여준다. 각각의 구축물에 있어서, 막대그래프의 중첩은 항-플래그 M2 항체와 형질감염체의 결합을 보여주는데, 이것은 형질감염체 상의 재조합 구축물의 발현을 명확히 입증한다.

도 6a 내지 6e는 시아노몰구스 EpCAM에 융합된 인간, 마모셋, 타마린 및 다람쥐 원숭이 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 아미노산 1 내지 27에 대한 원형질막공간으로 발현되는 단일쇄 항체의 미정제 제제의 형태로 종간 특이적 항-CD3 결합 분자의 결합을 검출하는 FACS 분석에서 시험된 다양한 형질감염체의 막대그래프 중첩을 보여준다.

도 6a에서 막대그래프 중첩은 좌측부터 우측으로 및 위부터 아래로 각각 H2C HLP, F12Q HLP, E2M HLP 및 G4H HLP로 명시된 CD3 특이적 결합 분자를 사용하여 시험한 인간 27머를 포함하는 1 내지 27 아미노산 CD3-EpCAM을 발현하는 형질감염체에 대한 결과를 보여준다.

도 6b에서 막대그래프 중첩은 좌측부터 우측으로 및 위부터 아래로 각각 H2C HLP, F12Q HLP, E2M HLP 및 G4H HLP로 명시된 CD3 특이적 결합 분자를 사용하여 시험한 마모셋 27머를 포함하는 1 내지 27 아미노산 CD3-EpCAM을 발현하는 형질감염체에 대한 결과를 보여준다.

도 6c에서 막대그래프 중첩은 좌측부터 우측으로 및 위부터 아래로 각각 H2C HLP, F12Q HLP, E2M HLP 및 G4H HLP로 명시된 CD3 특이적 결합 분자를 사용하여 시험한 타마린 27머를 포함하는 1 내지 27 아미노산 CD3-EpCAM을 발현하는 형질감염체에 대한 결과를 보여준다.

도 6d에서 막대그래프 중첩은 좌측부터 우측으로 및 위부터 아래로 각각 H2C HLP, F12Q HLP, E2M HLP 및 G4H HLP로 명시된 CD3 특이적 결합 분자를 사용하여 시험한 다람쥐 원숭이 27머를 포함하는 1 내지 27 아미노산 CD3-EpCAM을 발현하는 형질감염체에 대한 결과를 보여준다.

도 6e에서 막대그래프 중첩은 좌측부터 우측으로 및 위부터 아래로 각각 H2C HLP, F12Q HLP, E2M HLP 및 G4H HLP로 명시된 CD3 특이적 결합 분자를 사용하여 시험한 돼지 27머를 포함하는 1 내지 27 아미노산 CD3-EpCAM을 발현하는 형질감염체에 대한 결과를 보여준다. 개개의 중첩에서, 얇은 선은 음성 대조군으로서 사용된 뮤린 항-인간 CD3-항체의 단일쇄 제제와 함께 항온처리된 샘플을 나타내고, 굵은 선은 표시된 항-CD3 결합 분자 각각과 함께 항온처리된 샘플을 보여준다. 돼지 27머 형질감염체와의 결합 결여 및 도 5에 나타낸 구축물의 발현 수준을 고려할 때, 막대그래프 중첩은 시아노몰구스 EpCAM에 각각 융합된 인간, 마모셋, 타마린 및 다람쥐 원숭이 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 아미노산 1 내지 27을 포함하는 재조합 경막 융합 단백질을 발현하는 세포에 대한 완전한 종간 특이적 인간 이중특이적 단일쇄 항체의 시험된 항-CD3 특이성의 특이적이고 강한 결합, 및 이에 따라 항-CD3 결합 분자의 다중 양장류 종간 특이성을 보인다.

도 7은 형질감염된 뮤린 EL4 T 세포 상의 인간 CD3 엡실론의 검출을 위한 FACS 분석을 보여준다. 그래프 분석은 막대그래프의 중첩을 보인다. 굵은 선은 항-인간 CD3 항체 UCHT-1과 함께 항온처리된 형질감염된 세포를 표시한다. 얇은 선은 마우스 IgG1 동형 대조군과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 항-CD3 항체 UCHT1의 결합은 형질감염된 뮤린 EL4 T 세포의 세포 표면 상의 인간 CD3 엡실론의 발현을 명백히 보인다.

도 8a 내지 8d는 알라닌 스캐닝 실험에서 종간 특이적 항-CD3 항체와 알라닌-돌연변이체의 결합을 보여준다. 개개의 도면에서, 컬럼은 야생형 형질감염체(WT) 및 위치 1 내지 27의 모든 알라닌-돌연변이체에 대한 계산된 결합 값(로그 등급의 임의의 단위로 표시됨)을 좌측부터 우측으로 보여준다. 이 결합 값은 하기 수학식 1을 이

용하여 계산한다:

[수학식 1]

$$값\_샘플(x,y) = \frac{샘플(x,y) - 음성\ 대조군(x)}{(UCHT-1(x) - 음성\ 대조군(x)) * \frac{야생형(y) - 음성\ 대조군(야생형)}{UCHT-1(야생형) - 음성\ 대조군(야생형)}}$$

상기 식에서, 값_샘플은 도면에서 나타낸 바와 같은, 특이적 항-CD3 항체와 특이적 알라닌-돌연변이체의 결합 정도를 표시하는 임의의 단위로 표시된 결합 값을 의미하고, 샘플은 특이적 알라닌-스캐닝 형질감염체에 대해 분석된 특이적 항-CD3 항체에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, 음성 대조군은 특이적 알라닌-돌연변이체에 대해 분석된 음성 대조군에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, UCHT-1은 특이적 알라닌-돌연변이체에 대해 분석된 UCHT-1 항체에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, WT는 야생형 형질감염체에 대해 수득된 특이적 항-CD3 항체에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, x는 개개의 형질감염체를 특정하고, y는 개개의 항-CD3 항체를 특정하고, wt는 개개의 형질감염체가 야생형임을 특정한다. 개개의 알라닌-돌연변이체 위치는 야생형 아미노산의 단일 문자 코드 및 위치의 번호로 표지된다.

도 8a는 키메라 IgG 분자로서 발현된 종간 특이적 항-CD3 항체 A2J HLP에 대한 결과를 보여준다. 감소된 결합 활성은 위치 4(아스파라긴), 위치 23(트레오닌) 및 위치 25(이소류신)에서 알라닌으로의 돌연변이의 경우 관찰된다. 결합의 완전한 상실은 위치 1(글루타민), 위치 2(아스파테이트), 위치 3(글리신) 및 위치 5(글루타메이트)에서 알라닌으로의 돌연변이의 경우 관찰된다.

도 8b는 키메라 IgG 분자로서 발현된 종간 특이적 항-CD3 항체 E2M HLP에 대한 결과를 보여준다. 감소된 결합 활성은 위치 4(아스파라긴), 위치 23(트레오닌) 및 위치 25(이소류신)에서 알라닌으로의 돌연변이의 경우 관찰된다. 결합의 완전한 상실은 위치 1(글루타민), 위치 2(아스파테이트), 위치 3(글리신) 및 위치 5(글루타메이트)에서 알라닌으로의 돌연변이의 경우 관찰된다.

도 8c는 키메라 IgG 분자로서 발현된, 종간 특이적 항-CD3 항체 H2C HLP에 대한 결과를 보여준다. 감소된 결합 활성은 위치 4(아스파라긴)에서 알라닌으로의 돌연변이의 경우 관찰된다. 결합의 완전한 상실은 위치 1(글루타민), 위치 2(아스파테이트), 위치 3(글리신) 및 위치 5(글루타메이트)에서 알라닌으로의 돌연변이의 경우 관찰된다.

도 8d는 원형질막공간으로 발현된 단일쇄 항체로서 시험된 종간 특이적 항-CD3 항체 F12Q HLP에 대한 결과를 보여준다. 결합의 완전한 상실은 위치 1(글루타민), 위치 2(아스파테이트), 위치 3(글리신) 및 위치 5(글루타메이트)에서 알라닌으로의 돌연변이의 경우 관찰된다.

도 9는 N-말단 His6 태그를 가진 인간 CD3 및 N-말단 His6 태그를 갖지 않은 인간 CD3과 종간 특이적 항-CD3 결합 분자 H2C HLP의 결합을 검출하는 FACS 분석을 보여준다. 막대그래프 중첩이 종간 특이적 결합 분자 H2C HLP의 결합을 검출하는 FACS 분석에서 시험된 N-말단 His6 태그를 가진 인간 CD3 엡실론(우측 막대그래프) 또는 야생형 인간 CD3 엡실론 쇄(좌측 막대그래프)로 형질감염된 EL4 세포주에 대해 수행되었다. 샘플을 음성 대조군으로 사용된 적절한 동형 대조군과 함께 항온처리하고(얇은 선), 양성 대조군으로서 사용된 항-인간 CD3 항체 UCHT-1과 함께 항온처리하고(점선), 키메라 IgG 분자 형태의 종간 특이적 항-CD3 항체 H2C HLP와 함께 항온처리하였다(굵은 선). 막대그래프 중첩은 재조합 구축물 둘다의 발현을 입증하는 동형 대조군에 비해 형질감염체 둘다에 대한 UCHT-1 항체의 필적할만한 결합을 보여준다. 막대그래프 중첩은 야생형 인간 CD3 엡실론 쇄뿐만 아니라 His6-인간 CD3 엡실론 쇄와 항-CD3 결합 분자 H2C HLP의 결합도 보여준다. 이 결과는 자유 N-말단이 종간 특이적 항-CD3 결합 분자 H2C HLP의 결합에 필수적임을 입증한다.

도 10은 명시된 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 구축물과 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 10에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 2 ㎍/㎖의 정제된 단백질과 함께 항온처리된 후 항-His 항체 및 PE-표지된 검출 항체와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은 막대그래프 선은 음성 대조군, 즉 항-His 항체 및 검출 항체와만 항온처리된 세포를 표시한다.

도 11은 명시된 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 구축물과 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 10에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 2 ㎍/㎖의 정제된 단백질과 함께 항온처리된 후 항-His 항체 및 PE-표지된 검출 항체와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은

막대그래프 선은 음성 대조군, 즉 항-His 항체 및 검출 항체와만 항온처리된 세포를 표시한다.

도 12는 명시된 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 구축물과 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 10에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 2 ㎍/㎖의 정제된 단량체 단백질과 함께 항온처리된 후 항-His 항체 및 PE-표지된 검출 항체와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은 막대그래프 선은 음성 대조군, 즉 항-His 항체 및 검출 항체와만 항온처리된 세포를 표시한다.

도 13a 및 도 13b는 명시된 종간 특이적 MCSP 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 13a에서 자극된 CD4-/CD56- 인간 PBMC가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 도 13b에서 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 이 분석은 실시예 11에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 14a 및 14b는 명시된 종간 특이적 MCSP 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 14a 및 14b에서 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 이 분석은 실시예 11에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 15a 및 15b는 명시된 종간 특이적 MCSP 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 15a 및 15b에서 자극된 CD4-/CD56- 인간 PBMC가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 이 분석은 실시예 11에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 16a 및 16b는 명시된 종간 특이적 MCSP 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 16a에서 자극된 CD4-/CD56- 인간 PBMC가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 도 16b에서 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 이 분석은 실시예 11에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 17a 및 17b는 명시된 종간 특이적 MCSP 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 17a에서 자극된 CD4-/CD56- 인간 PBMC가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 도 17b에서 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx가 이펙터 세포, 즉 표적 세포로서 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포로서 사용된다. 이 분석은 실시예 11에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 18a 및 18b는 37℃ 및 4℃에서 각각 24시간 동안 50% 인간 혈장과 함께 항온처리되거나, 세포독성 시험 직전에 50% 인간 혈장이 첨가되거나 상기 혈장이 첨가되지 않은 명시된 단일쇄 구축물의 샘플에 의해 유도된 세포독성의 측정에 의해 시험된 MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 혈장 안정성을 보여준다. 인간 MCSP로 형질감염된 CHO 세포는 표적 세포주로서 사용되고, 자극된 CD4-/CD56- 인간 PBMC는 이펙터 세포로서 사용된다. 이 분석은 실시예 12에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 19a 내지 19f는 보편적인 환경-의존적인 CD3 에피토프를 인식하는 CD3 결합 분자 CD19xCD3을 사용한 정맥내 관주의 개시기 동안에, 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포(채워진 삼각형)를 본질적으로 갖지 않는 B-NHL 환자(표 4의 1번, 7번, 23번, 30번, 31번 및 33번 환자)의 말초혈 중 절대적 T 세포 카운트의 초기 강하 및 회복(즉, 재분포)을 보여준다. 절대적 세포 카운트는 혈액 1 ㎕ 당 1000개 세포 단위로 표시된다. 처음 데이터 점은 관주 개시 직전의 기준 카운트를 보여준다. CD19xCD3 투여량은 환자 번호 옆의 가로 안에 기재되어 있다.

도 20a는 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포(채워진 삼각형)를 갖지 않고 1일 동안 5 ㎍/㎡/24h의 투여량으로 시작한 후 15 ㎍/㎡/24h까지 투여량을 갑자기 증가시키면서 CD19xCD3을 연속 정맥내 관주한 상태 하에서 CNS 증상을 발달시킨 B-NHL 환자 제19번(표 4)에서의 반복된 T 세포 재분포(빈 사각형)를 보여준다. 절대적 세포 카운트는 혈액 1 ㎕ 당 1000개 세포 단위로 표시된다. 처음 데이터 점은 관주 개시 직전의 기준 카운트를 보여준다. 5 ㎍/㎡/24h에서 치료를 개시함으로써 유발시킨 제1 재분포로부터 순환하는 T 세포를 회수한 후, 5 ㎍/㎡/24h로부터 15 ㎍/㎡/24h로의 단계적 투여량 증가는 착란 및 방향감장애가 우세한 CNS 증상의 발달과 관련된 T 세포 제2 T 세포 재분포를 유발하였다. 도 20b는 1.5 ㎍/㎡의 CD19xCD3을 사용한 반복된 정맥내 볼루스 관주 하에 CNS 증상을 발달시킨 B-NHL 환자에서의 반복된 T 세포 재분포를 보여준다. 절대적 세포 카운트는 혈액 1 ㎕ 당 1000개 세포 단위로 표시된다. 볼루스 투여 각각에 대한 관주 시간은 2 내지 4시간이었다. 수직

화살표는 볼루스 관주의 개시를 표시한다. 볼루스 투여 각각의 개시에서의 데이터 점은 볼루스 관주의 개시 직전의 T 세포 카운트를 보여준다. 볼루스 관주 각각은 T 세포 재분포에 이어서 다음 볼루스 관주 전 T 세포 카운트의 회복을 유발하였다. 마지막으로, 제3 T 세포 재분포는 이 환자에서 CNS 증상의 발달과 관련되어 있었다.

도 21은 CD19xCD3 관주의 상승적인 개시, 즉 심지어 처음 24시간의 치료 동안 0부터 15 ㎍/㎡/24h로의 유속의 점진적인 증가 동안에 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포(채워진 삼각형)를 갖지 않은 B-NHL 환자(표 4의 20번 환자)의 결합체 T 세포 재분포 패턴(빈 사각형)을 보여준다. 절대적 세포 카운트는 혈액 1 ㎕ 당 1000개 세포 단위로 표시된다. 처음 데이터 점은 관주 개시 직전의 기준 카운트를 보여준다. CD19xCD3 투여량은 환자 번호 옆의 가로 안에 기재되어 있다. CD19xCD3에의 제1 노출에 의해 유발된 초기 재분포 후 순환하는 혈액 중에 나타나는 T 세포는 상승적인 주기 동안 CD19xCD3의 수준을 여전히 증가시킴으로써 순환하는 혈액으로부터 다시 사라질 때가지 부분적으로 유도된다.

도 22는 상당수의 순환하는 CD19 양성 표적 B(림프종) 세포(채워진 삼각형)를 가진 B-NHL 환자 제13번(표 4)의 CD19xCD3을 사용한 치료 과정 동안의 T 세포 카운트 및 B 세포 카운트를 보여준다. 절대적 세포 카운트는 혈액 1 ㎕ 당 1000개 세포 단위로 표시된다. 처음 데이터 점은 관주 개시 직전의 기준 카운트를 보여준다. CD19xCD3 투여량은 환자 번호 옆의 가로 안에 기재되어 있다. T 세포(빈 사각형)는 CD19xCD3을 사용한 치료의 개시 시 순환계로부터 완전히 사라지고 순환하는 CD19 양성 B(림프종) 세포(채워진 삼각형)가 말초 혈액으로부터 고갈될 때까지 다시 나타나지 않는다.

도 23은 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포를 본질적으로 갖지 않고(채워진 삼각형) 약물의 안정화에 필요한 추가 HSA를 사용하지 않은 CD19xCD3 관주의 개시 시 CNS 증상을 발달시킨 B-NHL 환자 제24번(표 4)의 반복된 T 세포 재분포(빈 사각형)를 보여준다(상부 패널). 초기 재분포로부터의 순환하는 T 세포를 처음 회수한 후, 안정화 HSA의 결여로 인한 불균일한 약물 유동은 착란 및 방향감장애가 우세한 CNS 증상의 발달과 관련된 제2 T 세포 재분포를 유발하였다. 동일한 환자가 약물 안정화를 위한 추가 HSA를 함유하는 CD19xCD3 용액으로 정확히 다시 개시하였을 때, 반복된 T 세포 재분포는 관찰되지 않았고(하부 패널), 환자는 임의의 CNS 증상을 다시 발달시키지 않았다. 처음 데이터 점은 관주 개시 직전의 기준 카운트를 보여준다. CD19xCD3 투여량은 환자 번호 옆의 가로 안에 기재되어 있다.

도 24는 환경-의존적인 CD3 에피토프와의 1가 결합에 의해 유도된 내피 세포에의 T 세포 부착의 모델을 보여준다. 보편적인 CD3 결합 분자와 CD3 엡실론 상의 환경-의존적인 에피토프의 1가 상호작용은 CD3의 구조의 알로스테릭 변화 후 CD3 엡실론의 세포질 도메인으로의 Nck2의 동원을 야기할 수 있다(Gil et al. (2002) Cell 109: 901). Nck2가 PINCH 및 ILK를 통해 인테그린에 직접 결합하기 때문에(Legate et al. (2006) Nat Rev Mol Cell Biol 7: 20), 보편적인 CD3 결합 분자(예컨대, 실시예 13의 CD19xCD3)와 CD3 엡실론 상의 상기 결합 분자의 환경-의존적인 에피토프의 결합을 통한 CD3 구조의 알로스테릭 변화 후 CD3 엡실론의 세포질 도메인으로의 Nck2의 동원은 T 세포 표면 상의 인테그린을 내부-외부-신호전달을 통해 부착력이 보다 높은 동형으로 일시적으로 전환시킴으로써 내피 세포에 대한 T 세포의 부착을 증가시킬 수 있다.

도 25는 실시예 14에 기재된 바와 같은 시아노몰구스 원숭이에서의 생체내 연구를 위해 사용되는 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL 시험 물질의 세포독성을 보여준다. CD33 양성 표적 세포의 특이적 용해는 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 농도를 증가시키면서 표준 크롬 51(^{51}Cr) 방출 분석에서 측정하였다. 분석 시간은 18시간이었다. 짧은꼬리 T 세포주 4119LnPx는 이펙터 세포의 공급원으로서 사용되었다. 시아노몰구스 CD33으로 형질감염된 CHO 세포는 표적 세포로서 사용되었다. 이펙터 세포 대 표적 세포의 비(E:T 비)는 10:1이었다. 최대치의 절반에 해당하는 표적 세포 용해(EC_{50})에 필요한 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 농도는 2.7 ng/㎖의 값을 사용하여 투여량 반응 곡선으로부터 계산하였다.

도 26a는 실시예 14에 기재된 바와 같이 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 정맥내 연속 관주를 통해 시아노몰구스 원숭이의 말초혈로부터 CD33 양성 단핵구가 투여량-의존적 및 시간-의존적으로 고갈됨을 보여준다. 컬럼 위에 표시된 치료 기간 후 절대적인 순환하는 CD33 양성 단핵구 카운트의 기준치(즉, 100%)에 대한 백분율이 투여량 수준 당 2마리의 시아노몰구스 원숭이 각각에 대해 보여진다. 투여량 수준(즉, 관주 유속)은 컬럼 아래에 표시되어 있다. 순환하는 CD33 양성 단핵구의 고갈이 30 ㎍/㎡/24h의 투여량으로 7일 동안 처리된 동물 1 및 2에서 관찰되었다. 60 ㎍/㎡/24h의 투여량으로 7일 동안 처리된 동물 3 및 4에서 순환하는 CD33 양성 단핵구 카운트는 각각 기준치의 68% 및 40%로 감소되었다. 240 ㎍/㎡/24h에서 순환하는 CD33 양성 단핵구는 치료한 지 3일 후 말초혈로부터 거의 완전히 고갈되었다(동물 5 및 6). 1000 ㎍/㎡/24h에서, 순환하는 CD33 양성 단핵구는 치

료한 지 1일 후 말초혈로부터 이미 완전히 고갈되었다(동물 7 및 8). 도 26ba 및 26bb는 120 ㎍/㎡/24h에서 14일 동안 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL을 연속 관주하는 동안 2마리의 시아노몰구스 원숭이의 말초혈에 존재하는 T 세포 및 CD33-단핵구 카운트의 경과를 보여준다. 절대적인 세포 카운트는 혈액 1 ㎕ 당 1000개 세포로 표시된다. 제1 데이터 점은 관주 개시 직전의 기준 카운트를 보여준다. CD33-단핵구의 관주를 개시한 지 처음 12시간 동안 말초혈에서 CD33-단핵구의 초기 이동(채워진 삼각형)은 관주의 추가 과정 동안의 기준 카운트 각각에 비해 2/3(동물 10) 및 50%(동물 9)까지 고갈되었다. 순환하는 T 세포 카운트(빈 사각형)는 초기에는 제한된 강하를 보인 후 순환하는 CD33 양성 단핵구 표적 세포가 존재하는 동안 회복되었다.

도 27은 실시예 15에 기재된 바와 같은 시아노몰구스 원숭이에서의 생체내 연구에 사용되는 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 세포독성을 보여준다. MCSP 양성 표적 세포의 특이적 용해는 증가하는 농도의 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL을 사용하여 표준 ^{51}Cr 방출 분석에서 측정하였다. 분석 시간은 18시간이었다. 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포의 공급원으로서 사용하였다. 시아노몰구스 MCSP로 형질감염된 CHO 세포는 표적 세포로서 사용하였다. 이펙터 세포 대 표적 세포의 비(E:T 비)는 10:1이었다. 최대치의 절반에 해당하는 표적 세포 용해에 필요한 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 농도(EC_{50})는 1.9 ng/㎖의 값을 이용하여 투여량 반응 곡선으로부터 계산하였다.

도 28a 및 28b는 본질적으로 환경-독립적인 CD3 에피토프를 인식하는 CD3 결합 분자 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL을 사용한 정맥내 관주의 개시기 동안 시아노몰구스 원숭이의 말초혈 중의 절대적인 T 세포 카운트(즉, 재분포)의 강하 후 회복이라는 초기 사건이 없음을 보여준다. 절대적인 세포 카운트는 혈액 1 ㎕ 당 1000개 세포로 표시된다. 제1 데이터 점은 관주 개시 직전의 기준 카운트를 보여준다. MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL 투여량은 동물 번호 옆의 가로 안내 기재되어 있다. 시아노몰구스 원숭이의 말초혈로부터 MCSP 양성 표적 세포의 공지된 부재 하에, CD3의 표적 세포 매개 가교결합을 통한 T 세포 재분포의 유도(즉, 절대적인 T 세포 카운트의 강하 후 회복이라는 초기 사건)는 없었다. 뿐만 아니라, T 세포가 CD3 결합 부위만과의 배타적인 상호작용을 통해 수용할 수 있는 신호를 통한 T 세포 재분포의 유도(즉, 절대적인 T 세포 카운트의 강하 후 회복이라는 초기 사건)는 본질적으로 환경-독립적인 CD3 에피토프를 인식하는 CD3 결합 분자, 예컨대, MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 사용에 의해 회피될 수 있다.

도 29a 내지 29l은 인간 CD33으로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 PBMC 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 16.4에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 5 ㎍/㎖의 정제된 이중특이적 단일쇄 구축물과 함께 항온처리된 세포, 또는 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액을 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 CHO 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33, 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 상기 구축물의 특이적 결합을 보여준다.

도 30a 내지 30h는 명시된 종간 특이적 CD33 특이적 단일쇄 구축물에 의해 표시된 표적 세포주에 대한 유도된 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용되었다. 상기 분석은 실시예 16.5에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO 세포에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 31은 E292F3 HL x I2C HL로 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 정제를 모니터링하는 SDS-PAGE 겔 및 웨스턴 블롯을 보여준다. 용출물, 세포 배양물 상청액(SN) 및 컬럼을 통과한 유동물(FT)로부터 수득한 샘플을 표시된 바와 같이 분석하였다. 단백질 마커(M)는 크기 기준물로서 사용되었다. SDS-PAGE 겔에서 분자량이 50 내지 60 kDa인 강한 단백질 밴드는 실시예 17.2에 기재된 1-단계 정제 방법을 이용한 경우 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자가 매우 높은 순도로 효율적으로 정제됨을 입증한다. His6 태그를 검출하는 웨스턴 블롯은 용출물에서 확인된 단백질 밴드가 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자임을 확인시켜 준다. 이 민감한 검출 방법에서 유동물 샘플에 대한 약한 신호는 상기 정제 방법에 의해 이중특이적 단일쇄 분자가 거의 완전히 포획됨을 보여준다.

도 32는 V207C12 HL x H2C HL로 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 정제를 모니터링하는 SDS-PAGE 겔 및 웨스턴 블롯을 보여준다. 용출물, 세포 배양물 상청액(SN) 및 컬럼을 통과한 유동물(FT)로부터 수득한 샘플을 표시된 바와 같이 분석하였다. 단백질 마커(M)는 크기 기준물로서 사용되었다. SDS-PAGE 겔에서 분자

량이 50 내지 60 kDa인 강한 단백질 밴드는 실시예 17.2에 기재된 1-단계 정제 방법을 이용한 경우 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자가 매우 높은 순도로 효율적으로 정제됨을 입증한다. His6 태그를 검출하는 웨스턴 블롯은 용출물에서 확인된 단백질 밴드가 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자임을 확인시켜 준다. 이 민감한 검출 방법에서 유동물 샘플에 대한 약한 신호는 상기 정제 방법에 의해 이중특이적 단일쇄 분자가 거의 완전히 포획됨을 보여준다.

도 33은 AF5HLxF12QHL로 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 정제를 모니터링하는 SDS-PAGE 겔 및 웨스턴 블롯을 보여준다. 용출물, 세포 배양물 상청액(SN) 및 컬럼을 통과한 유동물(FT)로부터 수득한 샘플을 표시된 바와 같이 분석하였다. 단백질 마커(M)는 크기 기준물로서 사용되었다. SDS-PAGE 겔에서 분자량이 50 내지 60 kDa인 강한 단백질 밴드는 실시예 17.2에 기재된 1-단계 정제 방법을 이용한 경우 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자가 매우 높은 순도로 효율적으로 정제됨을 입증한다. His6 태그를 검출하는 웨스턴 블롯은 용출물에서 확인된 단백질 밴드가 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자임을 확인시켜 준다. 이 민감한 검출 방법에서 유동물 샘플에 대한 신호는 친화성 컬럼이 상청액 중의 고농도의 이중특이적 단일쇄 분자로 인해 포화되기 때문이다.

도 34는 50% 짧은꼬리 원숭이 혈청 중의 AF5HLxI2CHL의 표준 곡선을 보여준다. 상부 도면은 실시예 18.2에 기재된 분석을 위해 작도된 표준 곡선을 보여준다. 하부 도면은 50% 짧은꼬리 원숭이 혈청 중의 AF5HLxI2CHL의 질 대조 샘플에 대한 결과를 보여준다. 회수율은 고등 QC 샘플 및 중등 QC 샘플의 경우 90%를 초과하였고 저등 QC 샘플의 경우 80%를 초과하였다. 따라서, 이 분석은 혈청 샘플 중의 AF5HLxI2CHL이 10 내지 200 ng/㎖(희석 전)의 농도로 검출될 수 있게 한다.

도 35는 50% 짧은꼬리 원숭이 혈청 중의 MCSP-G4 HL x I2C HL의 표준 곡선을 보여준다. 상부 도면은 실시예 18.2에 기재된 분석을 위해 작도된 표준 곡선을 보여준다. 하부 도면은 50% 짧은꼬리 원숭이 혈청 중의 MCSP-G4 HL x I2C HL의 질 대조 샘플에 대한 결과를 보여준다. 회수율은 고등 QC 샘플 및 중등 QC 샘플의 경우 98%를 초과하였고 저등 QC 샘플의 경우 85%를 초과하였다. 따라서, 이 분석은 혈청 샘플 중의 MCSP-G4 HL x I2C HL이 10 내지 200 ng/㎖(희석 전)의 농도로 검출될 수 있게 한다.

도 36은 시아노몰구스 원숭이 EpCAM에 융합된 명시된 종의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 형질감염된 CHO 세포에 대한 항-플래그 항체의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 19.1에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 항-플래그 항체와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 2% FCS를 함유하는 PBS를 음성 대조군으로서 사용하였다. 막대그래프는 항-플래그 항체와 모든 형질감염체의 강하고 필적할만한 결합을 보여주는데, 이 결합은 형질감염된 구축물들의 강하고 동등한 발현을 표시한다.

도 37은 시아노몰구스 원숭이 EpCAM에 융합된 명시된 종의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 형질감염된 CHO 세포에 대한 I2C IgG1 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 19.3에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 I2C IgG1 구축물을 발현하는 세포의 세포 배양물 상청액 50 ㎕와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 시아노몰구스 원숭이 EpCAM에 융합된 돼지의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산을 발현하는 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다. 음성 대조군과 비교할 때, 막대그래프는 I2C IgG1 구축물과 인간, 마모셋, 타마린 및 다람쥐 원숭이의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 결합을 명확히 입증한다.

도 38은 각각 실시예 6.1 및 5.1에 기재된 N-말단 His6 태그를 갖거나 갖지 않은 인간 CD3에 대한 실시예 19.2에 기재된 I2C IgG1 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. 굵은 선은 항-인간 CD3 항체 UCHT-1, 펜타-His 항체(퀴아젠) 및 표시된 I2C IgG1 구축물을 발현하는 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군으로서 사용된 관련 없는 뮤린 IgG1 항체와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 상부 2개의 막대그래프 중첩은 동형 대조군과 비교할 때 UCHT-1 항체와 형질감염체 둘다의 필적할만한 결합을 보여주는데, 이것은 재조합 구축물 둘다의 발현을 입증한다. 중심 막대그래프는 펜타-His 항체가 His6-인간 CD3 엡실론 쇄(His6-CD3)를 발현하는 세포와는 결합하지만 야생형 CD3 엡실론 쇄(WT-CD3)를 발현하는 세포와는 결합하지 않음을 보여준다. 이 결과는 자유 N-말단이 종간 특이적 항-CD3 결합 분자 I2C와 CD3 엡실론 쇄의 결합에 필수적임을 입증한다.

도 39는 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 10에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은

2 ㎍/㎖의 정제된 이중특이적 단일쇄 구축물 또는 상기 이중특이적 단일쇄 구축물을 함유하는 세포 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 CHO 세포의 상청액은 T 세포주와의 결합에 대한 음성 대조군으로서 사용되었다. 관련 없는 표적 특이성을 나타내는 단일쇄 구축물은 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포와의 결합에 대한 음성 대조군으로서 사용되었다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 40은 명시된 종간 특이적 MCSP D3 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 이펙터 세포 및 이펙터 세포 대 표적 세포 비도 표시된 바와 같이 이용되었다. 본 분석은 실시예 11에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 구축물 각각에 의한 세포독성의 강력한 종간 특이적 동원을 명확히 입증한다.

도 41은 인간 CD33으로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 CD33 및 짧은꼬리 원숭이 PBMC로 각각 형질감염된 CHO 세포에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 21.2에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 CHO 세포의 상청액은 음성 대조군으로서 사용되었다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 42는 명시된 종간 특이적 CD33 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포 및 이펙터 세포 대 표적 세포 비도 표시된 바와 같이 이용되었다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용되었다. 본 분석은 실시예 21.3에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO 세포 각각에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 43은 1.6, 2.0, 3.0 및 4.5 ㎍/kg의 투여량으로 PBS/5% HSA 및 PBS/5% HSA + 단일쇄 EpCAM/CD3-이중특이적 항체 구축물을 매주 정맥내 볼루스로 관주하였을 때 침팬지에서의 T 세포 재분포를 보여준다. 볼루스 투여 각각에 대한 관주 시간은 2시간이었다. 수직 화살표는 볼루스 관주의 개시를 표시한다. 볼루스 투여 각각의 개시 시점에서 데이터 점은 볼루스 관주 개시 직전의 T 세포 카운트를 보여준다. 보편적인 환경-의존적인 CD3 에피토프를 인식하는 단일쇄 EpCAM/CD3-이중특이적 항체 구축물의 볼루스 관주 각각은 T 세포 재분포를 유발한 후 다음 볼루스 관주 전의 기준 값으로의 T 세포의 회복을 유발하였다.

도 44는 선별된 클론으로부터 수득된 플래그 태그 부착된 scFv-단백질 단편을 함유하는 원형질막 제제의 CD3 특이적 ELISA 분석을 보여준다. 가용성 scFv-단백질 단편의 원형질막 제제를 가용성 인간 CD3 엡실론(1 내지 27개 아미노산)-Fc 융합 단백질로 코팅되고 PBS 3% BSA로 추가로 블록킹된 ELISA 플레이트의 웰에 첨가하였다. 단일클론 항-플래그-바이오틴-표지된 항체에 이어서 퍼록시데이즈-접합된 스트렙타비딘을 사용하여 검출을 수행하였다. 상기 ELISA는 ABTS 기질 용액을 사용하여 현상하였다. OD 값(y 축)은 ELISA 판독기를 이용하여 405 nm에서 측정하였다. 클론명은 x 축 상에 표시되어 있다.

도 45는 선별된 클론으로부터 수득된 플래그 태그 부착된 scFv-단백질 단편을 함유하는 원형질막 제제의 CD3 특이적 ELISA 분석을 보여준다. 도 44의 가용성 scFv-단백질 단편의 원형질막 제제와 동일한 가용성 scFv-단백질 단편의 원형질막 제제를 인간 CD3 엡실론(1 내지 27개 아미노산)-Fc 융합 단백질로 코팅되지 않았지만 huIgG1(시그마)로 코팅되고 PBS 중의 3% BSA로 블록킹된 ELISA 플레이트의 웰에 첨가하였다. 단일클론 항-플래그-바이오틴-표지된 항체에 이어서 퍼록시데이즈-접합된 스트렙타비딘을 사용하여 검출을 수행하였다. ABTS 기질 용액을 사용하여 ELISA를 현상하였다. OD 값(y 축)은 ELISA 판독기를 이용하여 405 nm에서 측정하였다. 클론명은 x 축 상에 표시되어 있다.

도 46은 인간 PSCA로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 24.5에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 47a 내지 도 47c는 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용하였다. 본 분석은 실시예 24.6에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA에 대해 양성을 나타내는 세포 각각에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 48은 인간 PSCA로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 45.5에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 49는 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용하였다. 본 분석은 실시예 24.6에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA에 대해 양성을 나타내는 표적 세포 각각에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 T 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 50은 인간 CD19로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL 및 CD3+ 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 25.4에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선 막대그래프는 세포 배양물 상청액에 이어서 뮤린 항-His-태그 항체와 함께 항온처리된 후 PE-표지된 항-뮤린 Ig 검출 항체와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은 선 막대그래프는 음성 대조군, 즉 항-His-태그 항체 및 항-뮤린 Ig 검출 항체와만 항온처리된 세포를 표시한다.

도 51은 표시된 표적 세포주에 대해 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된 세포독성 T 세포 활성을 보여준다. 도 51a에서 자극받은 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC는 이펙터 T 세포로서 사용되고, 인간 CD19로 형질감염된 CHO 세포는 표적 세포로서 사용된다. 도 51b에서 짧은꼬리 T 세포주 4119LnPx는 이펙터 세포의 공급원으로서 사용되고, 인간 CD19로 형질감염된 CHO 세포는 표적 세포로서 사용된다. 본 분석은 실시예 25.5에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 52는 c-MET 양성 인간 유방암 세포주 MDA-MB-231, CD3+ T 세포주 HPB-ALL 및 CD3+ 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 26.5에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 c-MET의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 53은 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용하였다. 본 분석은 실시예 26.6에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 c-MET에 대해 양성을 나타내는 세포에 대한 인간 이펙터 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 54는 실시예 27.1에 기재된 바와 같이 인간 c-MET를 발현하는 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 실시예 27.1에 기재된 바와 같이 짧은꼬리 원숭이 c-MET를 발현하는 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 27.2에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 55는 명시된 종간 특이적 c-MET 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 실시예 27.1에 기재된 바와 같이 생성된 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용하였다. 본 분석은 실시예 27.4에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 짧은꼬리 원숭이 c-MET에 대해 양성을 나타내는 표적 세포에 대한 짧은꼬리 원숭이 이펙터 T 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 56은 실시예 27.1에 기재된 바와 같이 인간 c-MET를 발현하는 CHO 세포 및 실시예 27.1에 기재된 바와 같이 짧은꼬리 원숭이 c-MET를 발현하는 CHO 세포 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 scFv 항체의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 27.3에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 scFv 항체를 함유하는 원형질막 제제와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다. 원형질막 제제를 위해 사용되는 완충제는 음성 대조군으로서 사용되었다. 종간 특이적 scFv 항체 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 특이적 결합을 보여준다.

도 57은 인간 엔도시알린으로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린으로 형질감염된 CHO 세포에 대한 종간 특이적 scFv 항체의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 28.3에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 scFv 항체 단편을 함유하는 원형질막 제제와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은 선은 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 CHO 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다. 막대그래프의 중첩은 scFv 항체 단편과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린의 특이적 결합을 보여준다.

도 58은 인간 CD248로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 CD248로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 29.1에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은 선은 음성 대조군을 표시한다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD248의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 59는 명시된 종간 특이적 CD248 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용되었다. 본 분석은 실시예 29.1에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD248 각각에 대해 양성을 나타내는 표적 세포에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 T 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 60은 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 30.4에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 후 항-His 항체 및 PE-표지된 검출 항체와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은 막대그래프 선은 음성 대조군, 즉 항-His 항체 및 검출 항체와만 함께 항온처리된 세포를 표시한다.

도 61은 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 61a에서 자극받은 CD4-/CD56- 인간 PBMC를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 도 61b에서 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 본 분석은 실시예 30.5에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 62는 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 61a에서 자극받은 CD4-/CD56- 인간 PBMC를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 도 61b에서 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 본 분석은 실시예 30.5에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 63은 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 63a 및 63b에서 자극받은 CD4-/CD56- 인간 PBMC를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 본 분석은 실시예 30.5에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 64 및 65는 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 64a 및 65a, 및 64b 및 65b에서 짧은꼬리 T 세포 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 본 분석은 실시예 30.5에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 66은 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 보여준다. 도 66a에서 자극받은 CD4-/CD56- 인간 PBMC를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 도 66b에서 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였고, 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였다. 본 분석은 실시예 30.5에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 67은 인간, 마우스 또는 인간-마우스 하이브리드 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 30.7에 기재된 바와 같이 수행하였다. 막대는 표시된 EpCAM 항원에 대한 명시된 구축물의 중간 형광 강도를 표시한다.

도 68의 FACS 분석에서 명시된 구축물은 음성 대조군에 비해 CD3 및 FAPα와의 결합을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 CD3 및 FAPα 항원 각각에 대한 상기 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다. 본 분석은 실시예 31에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 69에서 생성된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 자극받은 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유도된, 인간 FAPα 양성 표적 세포에 대한 세포독성, 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유도된, 짧은꼬리 원숭이 FAPα 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 보였다. 본 분석은 실시예 31에 기재된 바와 같이 수행하였다.

도 70은 인간 FAPα로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 32.1에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 얇은 선은 음성 대조군을 표시한다. 비-형질감염된 CHO 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 71은 명시된 종간 특이적 FAPα 특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용되었다. 본 분석은 실시예 32.1에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα 각각에 대해 양성을 나타내는 표적 세포에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 T 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

도 72는 인간 FAPα로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO 세포 각각에 대한 명시된 종간 특이적 scFv 항체의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 32.2에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 scFv 항체를 함유하는 원형질막 제제와 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 원형질막 제제를 위해 사용된 완충제를 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 scFv 항체 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα의 특이적 결합을 보여준다.

도 73은 인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO 세포, 인간 CD3+ T 세포주 HPB-ALL, 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx 각각에 대한 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물의 FACS 결합 분석을 보여준다. FACS 염색은 실시예 33.3에 기재된 바와 같이 수행하였다. 굵은 선은 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액과 함께 항온처리된 세포를 표시한다. 채워진 막대그래프는 음성 대조군을 표시한다. 세포 배양 배지를 음성 대조군으로서 사용하였다. 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물 각각의 경우, 막대그래프의 중첩은 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R의 특이적 결합, 및 상기 구축물과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3의 특이적 결합을 보여준다.

도 74는 명시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 구축물에 의해 유도된, 표시된 표적 세포주에 대한 세포독성을 측정하는 크롬 방출 분석의 결과를 보여준다. 이펙터 세포도 표시된 바와 같이 사용되었다. 본 분석은 실시예

33.3에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도면은 인간 및 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R 각각에 대해 양성을 나타내는 표적 세포에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 T 세포의 세포독성의 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0031] 본 발명의 한 실시양태에서, 본 발명의 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 제2 결합 도메인은 PSCA에 결합한다. 대안적 실시양태에서, 상기 제2 결합 도메인은 CD19, c-MET, 엔도시알린(CD248), EpCAM, FAP α 또는 IGF-1R에 결합한다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 제2 결합 도메인은 EpCAM 유전자의 엑손 2에 의해 코딩된 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1의 아미노산 잔기 26 내지 61에 결합한다. 인간 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1의 아미노산 잔기 26 내지 61은 서열번호 571에 기재되어 있다. 따라서, 본 발명의 EpCAM-유도된 이중특이적 단일쇄 분자는 이미 공지된 EpCAM-결합제 HD69를 기초로 한 EpCAM-결합 분자와 명백히 구별되는 그 자체로 독특한 EpCAM-결합 분자 클래스를 형성한다. 상기 EpCAM-결합제 HD69는 상이한 에피토프(즉, 인간 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1에 위치하지 않은 에피토프)에 결합한다.

[0032] 바람직하게는, PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAP α xCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 제2 결합 도메인은 인간 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α) 또는 비-침팬지 영장류 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α)에 결합하고, 보다 바람직하게는 상기 제2 결합 도메인은 인간 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α) 및 비-침팬지 영장류 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α)에 결합하므로 종간 특이성을 나타내고, 훨씬 더 바람직하게는 상기 제2 결합 도메인은 인간 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α) 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α)에 결합한다(따라서, 마찬가지로 종간 특이성을 나타냄). 특히 바람직하게는, 짧은꼬리 원숭이 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α)는 시아노몰구스 원숭이 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α) 및/또는 붉은 털 원숭이 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α)이다. 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 제2 결합 도메인이 바람직하게는 비-침팬지 영장류 EpCAM 유전자의 엑손 2에 의해 코딩된 비-침팬지 영장류 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1에 결합함을 이해할 것이다. 전술된 바와 같이, 비-침팬지 영장류 EpCAM은 바람직하게는 짧은꼬리 원숭이 EpCAM, 보다 바람직하게는 시아노몰구스 원숭이 EpCAM 및/또는 붉은털 원숭이 EpCAM이다.

[0033] 그러나, 상기 제2 결합 도메인이 다른 종의 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α) 상동체, 예컨대, 침팬지 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α) 또는 설치류의 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α) 상동체에 결합할 수도 있다는 것은 본 발명의 범위로부터 배제되지 않는다.

[0034] 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 항체의 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인의 종간 특이성은 동일함을 이해할 것이다.

[0035] 전립선암은 남성에서 두 번째로 가장 흔한 암이다. 2008년 동안 미국에서 186,320명의 남성들이 전립선암으로 새롭게 진단받을 것으로 추정되고, 약 28,660명의 남성들이 상기 질환으로 사망할 것이다(예를 들어, 웹사이트(http://www.cancer.gov/cancertopics/types/prostate) 참조). 전립선암 위험은 연령과 강하게 관련되어 있다: 50대 이하의 남성 중 극소수의 남성이 전립선암 환자로 등록되어 있고, 전립선암 환자의 4분의 3이 65세 이상의 남성에서 발생한다. 70 내지 74세의 남성에서 전립선암이 가장 많이 발생한다. 현재, 노년층의 생존율이 총 인구의 생존율보다 상당히 더 높다. 2025 내지 2030년까지, 60세 이상의 인구가 총 인구보다 3.5배 더 많아질 것으로 예측된다. 노년층 인구의 비율은 다음 반세기에 걸쳐 전세계적으로 2배 이상 더 많아질 것으로 예측되는데, 이는 진단받은 전립선암의 발병률의 추가 증가가 예측되어야 함을 의미한다. 그러나, PSCA는 전립선암 표적만이 아니다. 오히려, PSCA의 과발현이 방광암(Amara et al., Cancer Res 61 (2001): 4660-4665) 및 췌장암(Argani et al., Cancer Res 61 (2001): 4320-4324)에서도 발견되었다. 이에 비추어, 본 발명의 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 인간에서 전립선암, 방광암 또는 췌장암을 포함하나 이들로 한정되지 않은 PSCA-발현 암세포를 사멸하기 위한 유리한 수단을 제공한다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 공지된 항체의 세포독성보다 더 높다.

[0036] 유리하게는, 본 발명은 인간 PSCA 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA 상동체, 즉 비-침팬지 영장류의 상동체에 결합하는

제2 결합 도메인을 포함하는 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체도 제공한다. 따라서, 바람직한 실시양태에서, 상기 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 및 비-침팬지 영장류 PSCA에 대한 종간 특이성을 나타내는 제2 결합 도메인을 포함한다. 이 경우, 동일한 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 영장류에서 이 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가에 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수 있다. 즉, 동일한 분자가 임상전 동물 연구에서뿐만 아니라 인간 임상 연구에서도 사용될 수 있다. 이러한 점은 종-특이적 대용 분자에 비해 동물 연구의 고도로 필적할만한 결과 및 상당히 증가된 예측력을 제공한다. 본 발명의 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 및 PSCA 결합 도메인이 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류와 반응하기 때문에, 상기 항체는 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0037] CD19는 B-림프구 및 조혈 시스템의 여포상 수지 세포에 의해서만 발현되는 세포 표면 분자이다. CD19는 B-계열-제한된 항원들 중 가장 먼저 발현되는 항원이고 대부분의 전구-B 세포, 대부분의 비-T-세포 급성 림프성 백혈병 세포 및 B 세포형 만성 림프성 백혈병 세포 상에 존재한다.

[0038] 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 및 비-침팬지 영장류 CD19에 대한 종간 특이성을 나타내는 제2 결합 도메인을 포함한다. 이 경우, 동일한 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수 있다. 이러한 점은 종-특이적 대용 분자에 비해 동물 연구의 고도로 필적할만한 결과 및 상당히 증가된 예측력을 제공한다. 이 실시양태에서 본 발명의 CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인 및 CD19결합 도메인 둘다가 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류와 반응하기 때문에 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0039] 전술된 바와 같이, 간세포 성장 인자(HGF) 및 스캐터 인자(SF)에 대한 수용체 티로신 카이네이즈(RTK)를 코딩하는 MET 종양유전자는 세포 생장, 침윤 및 아폽토시스로부터의 보호를 유발하는 유전적 프로그램을 조절한다. 따라서, 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 c-MET 양성 유방암 세포주 MDA-MB-231에 의해 예시된 바와 같이 c-MET-발현 암세포를 사멸하기 위한 유리한 수단을 제공한다. 본 발명의 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 기재된 항체의 세포독성보다 더 높다. 바람직하게는, 본 발명의 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인 및 c-MET 결합 도메인 둘다가 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류 항원과 반응하기 때문에 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0040] 유리하게는, 본 발명은 추가 대안적 실시양태에서 인간 c-MET 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET 상동체, 즉 비-침팬지 영장류의 상동체 둘다에 결합하는 제2 결합 도메인을 포함하는 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체를 제공한다. 따라서, 바람직한 실시양태에서, 상기 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 및 비-침팬지 영장류 c-MET에 대한 종간 특이성을 나타내는 제2 결합 도메인을 포함한다. 이 경우, 동일한 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수 있다. 즉, 동일한 분자가 임상전 동물 연구뿐만 아니라 인간 임상 연구에서도 사용될 수 있다. 이러한 점은 종-특이적 대용 분자에 비해 동물 연구의 고도로 필적할만한 결과 및 상당히 증가된 예측력을 제공한다. 본 발명의 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인 및 c-MET 결합 도메인 둘다가 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류 항원과 반응하기 때문에 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0041] 혈관신생, 즉 새로운 모세혈관의 형성은 다수의 중요한 생리학적인 정상 사건 및 병리학적 사건에 필수적이다. 최근에는, 고형 종양을 조절하는 데 있어서 혈관신생 억제제의 잠재적인 치료 가치 때문에 혈관신생 억제제의 정제 및 특징규명에 대한 관심이 증가되었다. 엔도시알린은 그의 제한된 정상 조직 분포 및 매우 다양한 종류의 고형 종양의 종양 내피 세포 상에서의 풍부한 발현 때문에 항체-기초 항-혈관신생 암 치료법을 위한 표적물로서 사용될 수 있다. 특히, 암세포 대신에 종양 내피 세포를 표적화하는 것은 종양 혈관의 비-변형된 내피 세포 상에서의 표적물 발현이 유전적으로 불안정한 암세포 상에서의 표적물 발현보다 더 안정하다는 이점을 가진다. 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 종양 생장을 지지하는 데 있어서 주요 역할을 수행하는, 고형 종양에서의 새로운 모세혈관 형성을 억제하기 위한 유리한 수단을 제공한다. 이 신규하고 발명적 가치가 있는 치료법에서, 표적화되는 것은 종양 세포가 아니라 종양 혈관이다. 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특

이적 단일쇄 항체는 암종(유방, 신장, 폐, 결장직장, 결장 또는 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)을 포함하나 이들로 한정되지 않는 종양 내의 엔도시알린 양성 내피 세포로 세포독성 T 세포를 동원하여, 종양으로부터 엔도시알린-발현 내피 세포를 고갈시킨다. 이러한 방식으로, 종양 혈관신생이 억제되어 종양 감소 또는 심지어 종양 제거가 발생된다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 공지된 항체의 활성보다 더 높다. 고형 신생물의 생장은 지지 혈관의 동원을 필요로 하기 때문에, 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 종양 내피 표적화 및 사멸을 위한 신규하고 발명적 가치가 있는 방법을 제공한다.

[0042] 유리하게는, 본 발명은 인간 엔도시알린 및 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린 상동체, 즉 비-침팬지 영장류의 상동체 둘다에 결합하는 제2 결합 도메인을 포함하는 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체도 제공한다. 따라서, 바람직한 실시양태에서, 상기 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 및 비-침팬지 영장류 엔도시알린에 대한 종간 특이성을 나타내는 제2 결합 도메인을 포함한다. 이 경우, 동일한 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수 있다. 즉, 동일한 분자가 임상전 동물 연구뿐만 아니라 인간 임상 연구에서도 사용될 수 있다. 이러한 점은 종-특이적 대용 분자에 비해 동물 연구의 고도로 필적할만한 결과 및 상당히 증가된 예측력을 제공한다. 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인 및 엔도시알린 결합 도메인 둘다가 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류와 반응하기 때문에 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0043] EpCAM은 최근에 소위 "암 줄기 세포" 상에서 발현되는 것으로 발견되었다(Dalerba et al., PNAS 104 (2007), 10158-63; Dalerba et al., Ann. Rev. Med. 58 (2007), 267-84). 이에 비추어, 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 상피암 또는 최소 잔류 암에서 EpCAM-발현 암세포를 사멸하기 위한 유리한 수단을 제공할뿐만 아니라 치료 후 종양 재발의 추정되는 원인 물질의 제거에도 유용할 수 있다. 또한, 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 공지된 항체의 세포독성보다 더 높다.

[0044] 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 EpCAM 및 비-침팬지 영장류 EpCAM에 대한 종간 특이성을 나타내는 제2 결합 도메인을 포함한다. 이 경우, 동일한 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수 있다. 이러한 점은 종-특이적 대용 분자에 비해 동물 연구의 고도로 필적할만한 결과 및 상당히 증가된 예측력을 제공한다. 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인 및 EpCAM 결합 도메인 둘다가 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류와 반응하기 때문에 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0045] 본 발명의 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 종양의 생장 및 혈관신생을 지지하는 데 있어서 주요 역할을 수행하는, 고형 종양, 예컨대, 상피 종양의 간질을 공격하기 위한 유리한 수단을 제공한다. 이 신규하고 발명적 가치가 있는 치료법에서, 표적화되는 것은 종양 세포가 아니라 활성화된 간질 섬유모세포이다. 선행 연구는 일차 및 악성 유방, 폐 및 결장직장 암종의 90% 이상을 포함하는 흔한 종류의 상피암 중 대다수의 상피암이 풍부한 FAPα-반응성 간질 섬유모세포를 함유함을 밝혔다(문헌(Scanlan et al., PNAS 91 (1994), 5657-5661) 및 이 문헌에서 인용된 참고문헌). 대조적으로, 정상 조직, 양성 상피 병소 및 악성전 상피 병소는 FAPα 양성 간질 세포를 단지 드물게 함유한다. 본 발명의 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 일차 및 악성 상피 종양에서 FAPα 양성 활성화된 간질 섬유모세포에 세포독성 T 세포를 동원하여, 종양으로부터 간질 세포를 고갈시킨다. 특히, 암세포 대신에 종양 간질 세포의 표적화는 비-변형된 간질 세포 상에서의 표적물 발현이 유전적으로 불안정한 암세포 상에서의 표적물 발현보다 더 안정하다는 이점을 가진다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 공지된 항체의 활성보다 더 높다. 고형 신생물의 생장은 지지 간질의 동원을 필요로 하기 때문에, 본 발명의 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 종양 간질 표적화 및 사멸을 위한 신규하고 발명적 가치가 있는 방법을 제공한다.

[0046] 유리하게는, 본 발명은 인간 FAPα 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα 상동체, 즉 비-침팬지 영장류의 상동체 둘다에 결합하는 제2 결합 도메인을 포함하는 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체도 제공한다. 따라서, 바람직한 실시양태에서, 상기 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 및 비-침팬지 영장류 FAPα에 대한 종간 특이성을 나타내는 제2 결합 도메인을 포함한다. 이 경우, 동일한 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수

있다. 즉, 동일한 분자가 임상전 동물 연구뿐만 아니라 인간 임상 연구에서도 사용될 수 있다. 이러한 점은 종-특이적 대용 분자에 비해 동물 연구의 고도로 필적할만한 결과 및 상당히 증가된 예측력을 제공한다. 본 발명의 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인 및 FAPα 결합 도메인 둘다가 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류와 반응하기 때문에 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0047] 전술된 바와 같이, IGF-1R은 티로신 카이네이즈 활성을 보이고 인슐린 수용체 1R에 대해 70%의 상동성을 나타내는 수용체이다(따라서, 세포 표면 항원임). IGF-1R은 매우 다양한 종양 및 종양 세포주에서 발현되고, IGF는 IGF-1R에의 부착을 통해 종양 생장을 증폭시킨다.

[0048] 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 및 비-침팬지 영장류 IGF-1R에 대한 종간 특이성을 나타내는 제2 결합 도메인을 포함한다. 이 경우, 동일한 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수 있다. 이러한 점은 종-특이적 대용 분자에 비해 동물 연구의 고도로 필적할만한 결과 및 상당히 증가된 예측력을 제공한다. 본 발명의 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 CD3 결합 도메인 및 IGF-1R 결합 도메인 둘다가 종간 특이성을 나타내기 때문에, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류와 반응하기 때문에 영장류에서 상기 결합 도메인의 안전성, 활성 및/또는 약물동력학적 프로파일의 임상전 평가를 위해 사용될 수 있고 동일한 형태로 인간에서 약제로서 사용될 수 있다.

[0049] 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체를 생성할 수 있고, 이때 동일한 분자가 임상전 동물 시험뿐만 아니라 임상 염구 및 심지어 인간에서 치료요법에서 사용될 수 있음이 본 발명에서 발견되었다. 이것은 바람직하게는 인간 CD3 엡실론 및 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAMxCD3, IGF-1R 또는 FAPα) 각각에 결합할 수 있을 뿐만 아니라 (아마도 침팬지 대응물과의 유전적 유사성 때문에) 서반구 원숭이 및 동반구 원숭이를 포함하는 비-침팬지 영장류의 상기 항원들의 상동체에도 결합할 수 있는 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 예상치 않은 확인 때문이다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 바람직하게는 본 발명의 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체는 암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 질환에 대한 치료제 또는 약제로서 사용될 수 있다.

[0050] PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 전립선암, 방광암 또는 췌장암의 치료에 특히 유용하다.

[0051] 바람직하게는 본 발명의 인간 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 암, 바람직하게는 B 세포 악성 종양, 예컨대, 비-호지킨 림프종, B 세포 관련 자가면역 질환 또는 B 세포의 고갈을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 질환에 대한 치료제로서 사용될 수 있다.

[0052] 바람직하게는 본 발명의 인간 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 암, 바람직하게는 암종, 육종, 교모세포종/성상아교세포종, 흑색종, 중피종, 윌름스 종양 또는 조혈 악성 종양, 예컨대, 백혈병, 림프종 또는 다발성 골수종을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 질환에 대한 치료제로서 사용될 수 있다.

[0053] 바람직하게는 본 발명의 인간 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 암종(유방암종, 폐암종, 결장직장암종, 결장암종, 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)을 포함하나 이들로 한정되지 않은 종양 내피 표적화 및 사멸을 위한 신규하고 발명적 가치가 있는 방법을 제공한다. 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 고형 종양으로부터 이 종양의 지지 혈관을 고갈시킴으로써 혈관신생을 억제하고 결과적으로 상기 신생물의 생장을 억제할 수 있다.

[0054] 바람직하게는 본 발명의 인간 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 암, 바람직하게는 상피암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 질환에 대한 치료제로서 사용될 수 있다.

[0055] 바람직하게는 본 발명의 인간 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 암, 바람직하게는 골 또는 연 조직 암(예컨대, 에윙(Ewing) 육종), 유방암, 간암, 폐암, 두경부암, 결장직장암, 전립선암, 평활근육종, 자궁암, 자궁내막암, 난소암 및 췌장암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 질환에 대한 치료제로서 사용될 수 있다. 본 발명의 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 자가면역질환, 바람직하게는 건선에 대한 치료제로서 사용될 수 있다.

[0056] 전술된 바에 비추어, 계통발생학적으로 먼(인간으로부터 먼) 종에서 시험하기 위한 대용 PSCAxCD3(각각

CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체를 구축할 필요성이 없어진다. 그 결과, 동일한 분자가 임상 시험 및 후속 시판 승인 및 치료 약제 투여에서 인간에게 투여하기 위한 목적으로 동물 임상전 시험에서 사용될 수 있다. 인간에게 투여될 분자와 동일한 분자를 임상전 동물 시험에서 사용할 수 있다는 것은 임상전 동물 시험에서 수득된 데이터가 인간 환자에게 제한적으로 적용될 수 있다는 위험을 사실상 제거하거나 적어도 상당히 감소시킨다. 요약하건대, 실제로 인간에게 투여될 분자와 동일한 분자를 사용하여 동물에서 임상전 안전성 데이터를 수득하는 것은 상기 데이터를 인간-관련 시나리오에 적용할 수 있게 한다. 대조적으로, 대용 분자를 사용하는 보편적인 방법에서 상기 대용 분자는 임상전 안전성 평가를 위해 사용되는 동물 시험 시스템에 맞게 분자 수준에서 개조되어야 한다. 따라서, 인간 치료에서 사용되는 분자는 사실상 약물동력학적 파라미터 및/또는 생물학적 활성에서 임상전 시험에서 사용된 대용 분자와는 서열 및 아마도 구조 면에서 상이하므로, 임상전 동물 시험에서 수득된 데이터를 인간 환자에게 적용/이용하는 데에는 한계가 있다. 대용 분자의 사용은 완전히 신규한 구축물의 구축, 제조, 정제 및 특징규명을 필요로 한다. 이로 인해 해당 분자를 수득하는 데 있어서 추가 개발 비용 및 시간을 필요로 한다. 요약하건대, 인간 치료에서 사용될 실제 약물 이외에 대용 분자를 별도로 개발해야 하고, 이에 따라 상기 두 분자에 대한 2개의 개발 라인이 실시되어야 한다. 따라서, 본 명세서에 기재된 종간 특이성을 나타내는 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 주요 이점은 동일한 분자가 인간 및 임상전 동물 시험에서 치료제로서 사용될 수 있다는 점이다.

[0057] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인 중 하나 이상이 이하에서 더 상세히 기재되어 있는 바와 같이 CDR-이식된 도메인, 인간화된 도메인 또는 인간 도메인인 것이 바람직하다. 바람직하게는, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인은 CDR-이식된 도메인, 인간화된 도메인 또는 인간 도메인이다. 바람직하게는 본 발명의 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 경우, 상기 결합 분자에 대한 면역반응의 발생은 상기 분자를 인간에게 투여하였을 때 최대 가능한 정도까지 배제된다.

[0058] 바람직하게는 본 발명의 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 또 다른 주요 이점은 다양한 영장류에서 임상전 시험을 위한 상기 항체의 이용가능성이다. 동물에서 약제 후보물질의 거동은 이상적으로는 인간에게 투여되었을 때 이 약제 후보물질의 예측된 거동을 표시해야 한다. 그 결과, 이러한 임상전 시험으로부터 수득된 데이터는 일반적으로 인간 환자를 위한 고도의 예측력을 가져야 한다. 그러나, TGN1412(CD28 단일클론 항체)에 대한 최근의 I 기 임상 시험의 비극적인 결과로부터 알 수 있었던 바와 같이, 약제 후보물질은 인간보다 영장류 종에서 상이하게 작용할 수 있다: 상기 항체의 임상전 시험에서 시아노몰구스 원숭이를 이용하여 수행된 동물 연구에서 불리한 효과가 전혀 관찰되지 않거나 거의 제한된 불리한 효과만 관찰된 반면, 6명의 인간 환자는 상기 항체의 투여 시 다발성 장기 부전을 발달시켰다(Lancet 368 (2006), 2206-7). 이 극적인 바람직하지 않은 부정적인 사건의 결과는 임상전 시험을 하나의 (비-침팬지 영장류) 종으로만 한정하는 것은 충분하지 않을 수 있음을 암시한다. 본 발명의 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체가 일련의 서반구 원숭이 및 동반구 원숭이에 결합한다는 사실은 전술된 경우에서 직면한 문제점들을 극복하는 데 도움이 될 수 있다. 따라서, 본 발명은 인간 치료를 위한 약제가 개발되고 시험될 때 종간 차이점을 최소화하는 수단 및 방법을 제공한다.

[0059] 본 발명의 바람직하게는 인간 종간 특이적 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체를 사용하는 경우, 시험 동물을 인간에 투여될 약제 후보물질에 적합하게 개조할, 예컨대, 형질전환 동물을 발생시킬 필요성이 더 이상 없다. 본 발명의 용도 및 방법에 따라 종간 특이성을 나타내는 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체는 동물의 어떠한 유전적 개조 없이도 비-침팬지 영장류에서 임상전 시험에 직접 사용될 수 있다. 당업자에게 잘 공지되어 있는 바와 같이, 시험 동물을 약제 후보물질에게 맞게 개조하는 방법은 임상전 안전성 시험에서 수득된 결과가 동물의 변형으로 인해 인간 시험을 덜 대표하거나 예측하는 위험을 항상 수반한다. 예를 들어, 형질전환 동물에서 형질전이유전자(transgene)에 의해 코딩된 단백질은 종종 고도로 과발현된다. 따라서, 이 단백질 항원에 대한 항체의 생물학적 활성에 대해 수득된 데이터는 단백질이 훨씬 더 낮은 더 생리학적인 수준으로 발현되는 인간에서 상기 데이터의 예측 가치에 있어서 제한될 수 있다.

[0060] 종간 특이성을 나타내는 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3,

EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 사용에 대한 추가 이점은 멸종 위기의 종인 침팬지를 동물 시험에서 사용할 필요가 없다는 사실이다. 침팬지는 인간과 가장 유사한 종이고 최근에 게놈 서열분석 데이터를 기초로 인류과로 분류되었다(Wildman et al., PNAS 100 (2003), 7181). 따라서, 침팬지를 사용하여 수득한 데이터는 일반적으로 인간에 대해 고도의 예측력을 가진 것으로 간주된다. 그러나, 침팬지는 멸종 위기 종이기 때문에 의약 실험에 사용될 수 있는 침팬지의 수는 매우 제한된다. 따라서, 전술된 바와 같이, 동물 시험용 침팬지의 유지는 비용 및 윤리 면에서 문제점을 가진다. 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 사용은 수득된 동물 시험 데이터의 질, 즉 이용가능성에 대한 편견 없이 임상전 시험 동안 윤리적 반대 및 재정적 짐 둘다를 피한다. 이러한 점에 비추어, 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체는 침팬지에서의 연구에 대한 합리적인 대안을 제공한다.

[0061] 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 추가 이점은 예를 들어, 약물동력학적 동물 연구의 과정에서 상기 항체를 동물 임상전 시험의 일부로서 사용할 때 혈액 샘플의 다회 추출 가능성이다. 다회 혈액 추출은 하등 동물, 예컨대, 마우스보다 비-침팬지 영장류에서 훨씬 더 용이하게 수득될 수 있다. 다회 혈액 샘플 추출은 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체에 의해 유도된 생물학적 효과의 측정을 위한 혈액 파라미터의 연속적인 시험을 가능하게 한다. 나아가, 다회 혈액 샘플 추출은 연구원이 본원에 정의된 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 약물동력학적 프로파일을 평가할 수 있게 한다. 또한, 혈액 파라미터에 반영되는, 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체에 의해 유도될 수 있는 잠재적인 부작용은 상기 항체의 투여 과정 동안 추출된 상이한 혈액 샘플에서 측정될 수 있다. 이것은 본원에 정의된 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 잠재적인 독성 프로파일의 측정을 가능하게 한다.

[0062] 종간 특이성을 나타내는, 본원에 정의된 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 이점은 다음과 같이 간략하게 요약될 수 있다:

[0063] 첫째, 임상전 시험에서 사용되는, 본원에 정의된 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체는 인간 치료에 사용된 항체와 동일하다. 따라서, 약물동력학적 성질 및 생물학적 활성 면에서 상이할 수 있는 2종의 독립적인 분자를 개발할 필요성이 더 이상 없다. 이것은 예를 들어, 약물동력학적 결과가 예를 들어, 보편적인 대용 분자 사용 방법보다 인간에게 더 직접적으로 이용될 수 있고 적용될 수 있다는 점에서 매우 유리하다.

[0064] 둘째, 인간에서 치료제 제조용으로 본원에 정의된 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체의 사용은 대용 항체 사용 방법보다 더 적은 비용 및 노력이 요구된다.

[0065] 셋째, 본원에 정의된 본 발명의 바람직하게는 인간 PSCAxCD3(각각 CD19xCD3, c-METxCD3, 엔도시알린xCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 또는 FAPαxCD3) 이중특이적 단일쇄 항체는 1종의 영장류 종에서뿐만 아니라 일련의 다양한 영장류 종에서도 임상전 시험용으로 사용될 수 있으므로, 영장류와 인간 사이의 잠재적인 종간 차이점의 위험을 제한할 수 있다.

[0066] 넷째, 동물 시험용으로 멸종 위기에 처한 종인 침팬지의 사용을 필요에 따라 피할 수 있다

[0067] 다섯째, 다수의 혈액 샘플을 광범위한 약물동력학적 연구를 위해 추출할 수 있다.

[0068] 여섯째, 본 발명의 바람직한 실시양태에 따른 결합 분자, 바람직하게는 인간 결합 분자의 인간 기원으로 인해, 인간 환자에게 투여된 경우 상기 결합 분자에 대한 면역 반응의 발생이 최소화된다. 뮤린으로부터 유래된 치료 분자에 대한 인간-항-마우스 항체(HAMA)의 발생을 초래하는, 비-인간 종, 예컨대, 마우스로부터 유래된 약제 후보물질에 대한 특이성을 나타내는 항체를 사용한 면역 반응의 유도는 배제된다.

[0069] 마지막으로 기술하지만 매우 중요한 다음과 같은 이점이 있다:

[0070] ● 본 발명의 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 전립선암, 방광암 및 췌장암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 암에 대한 신규하고 발명적 가치가 있는 치료 방법을 제공한다. 하기 실시예는 PSCA에 대한 양성을 나타내는 세포에 대한 인간 및 짧은꼬리 원숭이 이펙터 세포의 세포독성의 강력한 동원이 구축물 각각에 대해 존재함을 명확히 입증한다.

[0071] ● 본 발명의 CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 암, 바람직하게는 B 세포 악성 종양, 예컨대, 비-호지킨 림프종, B 세포 매개 자가면역 질환 또는 B 세포의 고갈에 대한 신규하고 발명적 가치가 있는 치료 방법을 제공한다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 공지된 항체의 세포독성보다 더 높다.

[0072] ● 본 발명의 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 암, 바람직하게는 암종, 육종, 교모세포종/성상아교세포종, 흑색종, 중피종, 윌름스 종양 또는 조혈 악성 종양, 예컨대, 백혈병, 림프종 또는 다발성 골수종에 대한 신규하고 발명적 가치가 있는 치료 방법을 제공한다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 공지된 항체의 세포독성보다 더 높다.

[0073] ● 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 암, 바람직하게는 암종(유방암종, 신장암종, 폐암종, 결장직장암종, 결장암종, 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)을 포함하나 이들로 한정되지 않는 종양 내피 표적화 및 사멸을 위한 신규하고 발명적 가치가 있는 방법을 제공한다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 고형 종양으로부터 이 종양의 지지 혈관을 고갈시킴으로써 혈관신생 및 이에 따라 상기 신생물의 생장을 억제할 수 있다.

[0074] ● 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 암, 바람직하게는 상피암 및/또는 최소 잔류 암에 대한 신규하고 발명적 가치가 있는 치료 방법을 제공한다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 암, 바람직하게는 상피암 또는 최소 잔류 암에서 EpCAM-발현 암세포를 사멸하기 위한 유리한 수단을 제공할뿐만 아니라 치료 후 종양 재발의 추정되는 원인 물질의 제거에도 유용할 수 있다. 또한, 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 세포독성은 당분야에 공지된 항체의 세포독성보다 더 높다.

[0075] ● 본 발명의 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 종양 간질 표적화 및 사멸을 위한 신규하고 발명적 가치가 있는 방법을 제공한다: 본 발명의 FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체는 고형 종양, 예컨대, 상피 종양으로부터 이 종양의 지지 간질을 고갈시킴으로써 고형 신생물의 생장 및 혈관신생을 억제한다.

[0076] ● 본 발명의 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 치료적 사용은 암(바람직하게는 골 또는 연 조직 암(예를 들어, 에윙 육종), 유방암, 간암, 폐암, 두경부암, 결장직장암, 전립선암, 평활근육종, 자궁암, 자궁내막암, 난소암 및 췌장암) 또는 자가면역 질환(바람직하게는 건선)에 대한 신규하고 발명적 가치가 있는 치료 방법을 제공한다.

[0077] 전술된 바와 같이, 본 발명은 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인, 및 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα)에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함하는 폴리펩티드, 즉 이중특이적 단일쇄 항체를 제공하는데, 이때 상기 제2 결합 도메인은 바람직하게는 인간 및 비-침팬지 영장류의 PSCA(각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα)에도 결합한다. 본 발명의 바람직한 이중특이적 단일쇄 항체의 동원을 수행하는 약제 후보물질로서 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 이점은 이 분자가 임상전 동물 시험뿐만 아니라 임상 연구에서 사용될 수 있고 심지어 인간에서 치료용으로 사용될 수 있다는 점이다. 본 발명의 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 바람직한 실시양태에서, 세포 표면 항원에 결합하는 제2 결합 도메인은 인간이다. 본 발명에 따른 종간 특이적 이중특이적 분자에서 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합하는 결합 도메인은 상기 이중특이적 분자의 N-말단 또는 C-말단에서 VH-VL 또는 VL-VH의 순서로 존재한다. 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인에서 VH-쇄 및 VL-쇄의 다양한 정렬을 가진 본 발명에 따른 종간 특이적 이중특이적 분자의 예는 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0078] 본원에서 사용된 "이중특이적 단일쇄 항체"는 2개의 결합 도메인을 포함하는 단일 폴리펩티드 쇄를 의미한다. 결합 도메인 각각은 항체 중쇄로부터 유래된 1개의 가변 영역("VH 영역")을 포함하고, 이때 제1 결합 도메인의 VH 영역은 CD3 엡실론 분자에 특이적으로 결합하고, 제2 결합 도메인의 VH 영역은 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 특이적으로 결합한다. 2개의 결합 도메인은 경우에 따라 짧은 폴리펩티드 스

페이서에 의해 서로 연결되어 있다. 폴리펩티드 스페이서의 비-제한적 예는 Gly-Gly-Gly-Gly-Ser(G-G-G-G-S) 및 이의 반복부(repeat)이다. 결합 도메인 각각은 항체 경쇄로부터 유래된 1개의 가변 영역("VL 영역")을 추가로 포함할 수 있고, 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인 각각에 존재하는 VH 영역 및 VL 영역은 예를 들어, 유럽 특허 제623679호에 개시되고 청구된 형태의 폴리펩티드 링커(임의의 경우, 제1 결합 도메인의 VH 영역 및 VL 영역과 제2 결합 도메인의 VH 영역 및 VL 영역이 서로 쌍을 형성하여 이들이 함께 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인 각각에 특이적으로 결합할 수 있게 하기에 충분히 긴 폴리펩티드 링커)를 통해 서로 연결된다.

[0079] 용어 "단백질"은 당분야에 잘 공지되어 있고 생물학적 화합물을 의미한다. 단백질은 1개 이상의 아미노산 쇄(폴리펩티드)를 포함하고, 이때 아미노산은 펩티드 결합을 통해 서로 결합되어 있다. 본원에서 사용된 용어 "폴리펩티드"는 30개 이상의 아미노산으로 구성된 분자 군을 의미한다. 본 발명에 따르면, 폴리펩티드 군은 단일 폴리펩티드 쇄로 구성된 "단백질"을 포함한다. 상기 정의와 함께, 용어 "폴리펩티드"는 30개 이상의 아미노산으로 구성된 단백질 단편 또한 의미한다. 폴리펩티드는 다량체, 예컨대, 이량체, 삼량체 및 보다 높은 올리고머, 즉 1개 초과의 폴리펩티드 분자로 구성된 올리고머를 형성할 수도 있다. 이러한 이량체, 삼량체 등을 형성하는 폴리펩티드 분자는 동일할 수 있거나 동일하지 않을 수 있다. 따라서, 이러한 다량체들의 상응하는 고차 구조는 동종이량체 또는 이종이량체, 동종삼량체 또는 이종삼량체 등으로 지칭된다. 이종다량체의 예는 그의 천연 발생 형태에서 2개의 동일한 폴리펩티드 경쇄 및 2개의 동일한 폴리펩티드 중쇄로 구성된 항체 분자이다. 용어 "폴리펩티드" 및 "단백질"은 천연적으로 변경된 폴리펩티드/단백질도 지칭하는데, 이때 변경은 예를 들어, 번역 후 변경, 예컨대, 글리코실화, 아세틸화, 인지질화 등에 의해 수행된다. 이러한 변경은 당분야에 잘 공지되어 있다.

[0080] 본 발명과 관련하여, 용어 "결합 도메인"은 주어진 표적 구조/항원/에피토프에 특이적으로 결합/상호작용하는 폴리펩티드의 도메인을 특징규명한다. 따라서, 결합 도메인은 "항원-상호작용-부위"이다. 본 발명에 따르면, 용어 "항원-상호작용-부위"는 특정 항원 또는 특정 항원 군, 예를 들어, 상이한 종에서 동일한 항원과 특이적으로 상호작용할 수 있는 폴리펩티드 모티프를 정의한다. 또한, 상기 결합/상호작용은 "특이적 인식"을 정의하는 것으로 이해된다. 본 발명에 따르면, 용어 "특이적으로 인식하는"은 항체 분자가 항체 분자가 항원, 예를 들어, 본원에 정의된 인간 CD3 항원의 2개 이상, 바람직하게는 3개 이상, 더 바람직하게는 4개 이상의 아미노산과 특이적으로 상호작용하고/하거나 결합할 수 있음을 의미한다. 이러한 결합은 "자물쇠-및-열쇠-원리"의 특이성에 의해 예시될 수 있다. 따라서, 결합 도메인의 아미노산 서열 내의 특정 모티프와 항원은 그들의 일차, 이차 또는 삼차 구조의 결과로서 뿐만 아니라 상기 구조의 이차 변경의 결과로서 서로 결합한다. 항원-상호작용-부위와 그의 특이적 항원의 특이적 상호작용 또한 상기 부위와 항원의 단순한 결합을 야기할 수 있다. 뿐만 아니라, 결합 도메인/항원-상호작용-부위와 그의 특이적 항원의 특이적 상호작용은 대안적으로 예를 들어, 항원의 입체구조의 변화 유도, 항원의 올리고머화 등으로 인해 신호의 개시를 초래할 수 있다. 본 발명에 따른 결합 도메인의 바람직한 예는 항체이다. 결합 도메인은 단일클론 항체 또는 다클론 항체일 수 있거나 단일클론 항체 또는 다클론 항체로부터 유래될 수 있다.

[0081] 용어 "항체"는 여전히 결합 특이성을 보유하는 항체의 유도체 또는 기능성 단편을 포함한다. 항체 제조 기법은 당분야에 잘 공지되어 있고, 예를 들어, 문헌(arlow and Lane "Antibodies, A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1988 and Harlow and Lane "Using Antibodies: A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1999)에 기재되어 있다. 용어 "항체"는 다양한 클래스(즉, IgA, IgG, IgM, IgD 및 IgE) 및 서브클래스(예컨대, IgG1, IgG2 등) 또한 포함한다.

[0082] 용어 "항체"의 정의는 실시양태, 예컨대, 키메라 항체, 단일쇄 항체 및 인간화된 항체뿐만 아니라 항체 단편, 예컨대, Fab 단편도 포함한다. 항체 단편 또는 유도체는 $F(ab')_2$, Fv, scFv-단편 또는 단일 도메인 항체, 단일 가변 도메인 항체, 또는 다른 V 영역 또는 도메인과 무관하게 항원 또는 에피토프에 특이적으로 결합하는, VH 또는 VL일 수 있는 1개의 가변 도메인만을 포함하는 면역글로불린 단일 가변 도메인도 포함한다(예를 들어, 상기 문헌(Harlow and Lane (1988) and (1999)) 참조). 이러한 면역글로불린 단일 가변 도메인은 단리된 항체 단일 가변 도메인 폴리펩티드뿐만 아니라, 항체 단일 가변 도메인 폴리펩티드 서열의 1개 이상이 단량체를 포함하는 보다 큰 폴리펩티드도 포함한다.

[0083] 다양한 방법이 당분야에 공지되어 있고 이러한 항체 및/또는 단편의 제조를 위해 사용될 수 있다. 따라서, (항체) 유도체도 펩티도상동체(peptidomimetics)에 의해 제조될 수 있다. 또한, 단일쇄 항체의 제조에 대해 기재된 기법(특히, 미국 특허 제4,946,778호 참조)을 개조하여 선택된 폴리펩티드에 대한 특이성을 나타내는 단일쇄 항체를 제조할 수 있다. 또한, 형질전환 동물을 이용하여 본 발명의 폴리펩티드 및 융합 단백질에 대한 특이성

을 나타내는 인간화된 항체를 발현시킬 수 있다. 단일클론 항체의 제조를 위해, 연속 세포주 배양에 의해 제조되는 항체를 제공하는 임의의 기법이 이용될 수 있다. 이 기법의 예는 하이브리도마 기법(Kohler and Milstein Nature 256 (1975), 495-497), 트리오마(trioma) 기법, 인간 B 세포 하이브리도마 기법(Kozbor, Immunology Today 4 (1983), 72), 및 인간 단일클론 항체를 제조하기 위한 EBV-하이브리도마 기법(Cole et al., Monoclonal Antibodies and Cancer Therapy, Alan R. Liss, Inc. (1985), 77-96)을 포함한다. 비아코어(BIAcore) 시스템에서 사용된 표면 플라스몬 공명을 이용하여 표적 폴리펩티드의 에피토프, 예컨대, CD3 엡실론, PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 결합하는 파지 항체의 효율을 증가시킬 수 있다(Schier, Human Antibodies Hybridomas 7 (1996), 97-105; Malmborg, J. Immunol. Methods 183 (1995), 7-13). 또한, 용어 "항체"는 이하에 기재된 바와 같이 숙주에서 발현될 수 있는 항체 구축물, 예를 들어, 특히 바이러스 또는 플라스미드 벡터를 통해 형질감염될 수 있고/있거나 형질도입될 수 있는 항체 구축물을 포함함이 본 발명의 내용에서 예기된다.

[0084] 본 발명에 따라 사용되는 용어 "특이적 상호작용"은 결합 도메인이 이 결합 도메인에 의해 결합된 폴리펩티드와 유사한 구조를 갖고 관심 있는 폴리펩티드와 동일한 세포에 의해 발현될 수 있는 폴리펩티드와 교차-반응하지 않거나 유의하게 교차-반응하지 않음을 의미한다. 연구하고 있는 결합 도메인의 패널의 교차-반응성은 예를 들어, 보편적인 조건 하에 결합 도메인의 상기 패널의 결합을 평가함에 의해 시험될 수 있다(예를 들어, 문헌(Harlow and Lane, Antibodies: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1988 and Using Antibodies: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1999) 참조). 결합 도메인과 특이적 항원의 특이적 상호작용의 예는 수용체에 대한 리간드의 특이성을 포함한다. 상기 정의는 특히 특이적 수용체와의 결합 시 신호를 유도하는 리간드의 상호작용을 포함한다. 상기 정의에 의해 특히 포함되는 상기 상호작용의 예는 항원 결정인자(에피토프)와 항체의 결합 도메인(항원 결합 부위)의 상호작용이다.

[0085] 본원에서 사용된 용어 "종간 특이성" 또는 "교차-종 특이성"은 인간 및 비-침팬지 영장류에서 본원에 기재된 결합 도메인과 동일한 표적 분자의 결합을 의미한다. 따라서, "종간 특이성" 또는 "교차-종 특이성"은 다양한 종에서 발현된 동일한 분자 "X"(즉, 상동체)에 대한 종간 반응성으로서 이해되어야 하지만 "X" 이외의 분자에 대한 종간 반응성으로서 이해되어서는 안 된다. 예를 들어, 인간 CD3 엡실론을 인식하는 단일클론 항체의 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론, 예를 들어, 짧은꼬리 원숭이 CD3 엡실론에 대한 종간 특이성은 예를 들어, FACS 분석에 의해 측정될 수 있다. FACS 분석은 단일클론 항체 각각이 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 항원을 발현하는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포, 예를 들어, 짧은꼬리 원숭이 세포에의 결합에 대해 각각 시험되는 방식으로 수행된다. 적절한 분석은 하기 실시예에 기재되어 있다. 전술된 사항들은 필요한 변경을 가하여 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 및 FAPα 항원에 적용된다: 예를 들어, 인간 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα 항원을 인식하는 단일클론 항체의 비-침팬지 영장류 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα, 예를 들어, 짧은꼬리 원숭이 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 대한 종간 특이성은 예를 들어, FACS 분석에 의해 측정될 수 있다. FACS 분석은 단일클론 항체 각각이 상기 인간 및 비-침팬지 영장류 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα 항원을 발현하는 인간 및 비-침팬지 영장류, 예를 들어, 짧은 고리 원숭이 세포와의 결합에 대해 각각 시험되는 방식으로 수행된다.

[0086] 본원에서 사용된 바와 같이, CD3 엡실론은 T 세포 수용체의 일부로서 발현되는 분자이고 선행 기술에서 전형적으로 정의된 의미와 동일한 의미를 가진다. 인간에서, CD3 엡실론은 모든 공지된 CD3 서브유니트, 예를 들어, CD3 엡실론, CD3 델타, CD3 감마, CD3 제타, CD3 알파 및 CD3 베타의 조합된 형태를 개별적으로 또는 독립적으로 포괄한다. 본원에서 지칭되는 비-침팬지 영장류, 비-인간 CD3 항원은 예를 들어, 마카카 파시쿨라리스 CD3 및 마카카 물라타 CD3이다. 마카카 파시쿨라리스에서, 상기 CD3 항원은 CD3 엡실론 FN-18 음성, CD3 엡실론 FN-18 양성, CD3 감마 및 CD3 델타를 포함한다. 마카카 물라타에서, 상기 CD3 항원은 CD3 엡실론, CD3 감마 및 CD3 델타를 포함한다. 바람직하게는, 본원에서 사용된 상기 CD3은 CD3 엡실론이다. 인간 CD3 엡실론은 진뱅크(GenBank) 검색 번호 NM_000733으로 표시되어 있고 서열번호 1을 포함한다. 인간 CD3 감마는 진뱅크 검색 번호 NM_000073으로 표시된다. 인간 CD3 델타는 진뱅크 검색 번호 NM_000732로 표시된다.

[0087] 마카카 파시쿨라리스의 CD3 엡실론 "FN-18 음성"(즉, 전술된 바와 같이 다형성으로 인해 단일클론 항체 FN-18에 의해 인식되지 않는 CD3 엡실론)은 진뱅크 검색 번호 AB073994로 표시된다.

[0088] 마카카 파시쿨라리스의 CD3 엡실론 "FN-18 양성"(즉, 단일클론 항체 FN-18에 의해 인식되는 CD3 엡실론)은 진뱅크 검색 번호 AB073993으로 표시된다. 마카카 파시쿨라리스의 CD3 감마는 진뱅크 검색 번호 AB073992로 표시된

다. 마카카 파시쿨라리스의 CD3 델타는 진뱅크 검색 번호 AB073991로 표시된다.

[0089] 마카카 물라타의 CD3 엡실론, 감마 및 델타 상동체 각각의 핵산 서열 및 아미노산 서열은 당분야에 기재된 재조합 기법에 의해 확인되고 단리될 수 있다(Sambrook et al. Molecular Cloning: A Laboratory Manual; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3rd edition 2001). 이것은 필요한 변경을 가하여 본원에 정의된 다른 비-침팬지 영장류의 CD3 엡실론, 감마 및 델타 상동체에 적용된다. 칼리트릭스 자쿠스, 사이미리 시우레우스 및 사귀너스 오에디퍼스의 아미노산 서열의 확인은 하기 실시예에 기재되어 있다. 칼리트릭스 자쿠스의 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 아미노산 서열은 서열번호 3에 기재되어 있고, 사귀너스 오에디퍼스의 아미노산 서열은 서열번호 5에 기재되어 있고, 사이미리 시우레우스의 아미노산 서열은 서열번호 7에 기재되어 있다.

[0090] 인간 PSCA는 진뱅크 검색 번호 NM_005672로 표시된다. 상응하는 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 444 및 443에 기재되어 있다. 짧은꼬리 원숭이의 PSCA 상동체의 클로닝은 하기 실시예에 기재되어 있고, 상응하는 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 446 및 445에 기재되어 있다.

[0091] 인간 CD19는 진뱅크 검색 번호 NM_001770으로 표시된다. 이 서열 정보를 기초로 하여 당업자는 어떠한 발명적 노력 없이 짧은꼬리 원숭이 CD19 분자를 클로닝할 수 있다. 예를 들어, 진뱅크 검색 번호 NM_001770으로 표시되는 인간 CD19 cDNA 또는 이의 단편은 적절한 혼성화 조건 하에 짧은꼬리 원숭이 cDNA 라이브러리(예를 들어, 시아노몰구스 원숭이 또는 붉은털 원숭이의 cDNA 라이브러리)를 스크리닝하기 위한 혼성화 프로브로서 사용될 수 있다. 분자생물학에서 재조합 기법 및 스크리닝 방법(혼성화 방법을 포함함)은 예를 들어, 문헌(Sambrook et al. Molecular Cloning: A Laboratory Manual; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3rd edition, 2001)에 기재되어 있다.

[0092] 인간 c-MET는 진뱅크 검색 번호 NM_000245로 표시된다. 상응하는 cDNA 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 776 및 777에 기재되어 있다. 짧은꼬리 원숭이의 c-MET 상동체의 클로닝은 하기 실시예에 기재되어 있고, 상응하는 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 788 및 789에 기재되어 있다.

[0093] *인간 엔도시알린은 진뱅크 검색 번호 NM_020404로 표시된다. 상응하는 cDNA 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 913 및 914에 기재되어 있다. 짧은꼬리 원숭이의 엔도시알린 상동체의 클로닝은 하기 실시예에 기재되어 있고, 상응하는 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 915 및 916에 기재되어 있다.

[0094] 인간 EpCAM은 진뱅크 검색 번호 NM_002354로 표시된다. 상응하는 cDNA 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 1029 및 1028에 기재되어 있다. 하기 실시예에 기재된 바와 같이, 본 발명의 EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체의 제2 결합 도메인은 EpCAM 유전자의 엑손 2에 의해 코딩되는 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1의 아미노산 잔기 26 내지 61에 위치한 에피토프에 결합한다. 인간 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1의 아미노산 잔기 26 내지 61은 서열번호 1130에 기재되어 있다. 이 서열 정보를 기초로 하여 당업자는 어떠한 발명적 노력 없이 짧은꼬리 원숭이 EpCAM 분자를 클로닝(클로닝하고 발현)할 수 있다. 예를 들어, 진뱅크 검색 번호 NM_002354로 표시되는 인간 EpCAM cDNA 또는 이의 단편은 적절한 혼성화 조건 하에 짧은꼬리 원숭이 cDNA 라이브러리(예를 들어, 시아노몰구스 원숭이 또는 붉은털 원숭이의 cDNA 라이브러리)를 스크리닝하기 위한 혼성화 프로브로서 사용될 수 있다. 분자생물학에서 재조합 기법 및 스크리닝 방법(혼성화 방법을 포함함)은 예를 들어, 문헌(Sambrook et al. Molecular Cloning: A Laboratory Manual; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3rd edition, 2001)에 기재되어 있다.

[0095] 인간 FAPα는 진뱅크 검색 번호 NM_004460으로 표시된다. 상응하는 cDNA 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 1149 및 1150에 기재되어 있다. 짧은꼬리 원숭이의 FAPα 상동체의 클로닝은 하기 실시예에 기재되어 있고, 상응하는 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 1151 및 1152에 기재되어 있다.

[0096] 인간 IGF-1R은 진뱅크 검색 번호 NM_000875로 표시된다. 상응하는 cDNA 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 1988 및 1989에 기재되어 있다. 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R의 코딩 서열은 진뱅크(검색 번호 XM_001100407)에 공개되어 있다. 상응하는 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 각각 서열번호 1998 및 1999에 기재되어 있다.

[0097] 전술된 바에 따라, 용어 "에피토프"는 본원에 정의된 바와 같이 결합 도메인에 의해 특이적으로 결합/확인되는 항원 결정인자를 의미한다. 결합 도메인은 표적 구조체에만 존재하는 입체구조적 또는 연속적 에피토프, 예를 들어, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄 또는 인간 및 비-침팬지 영장류 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα와 특이적으로 결합/상호작용할 수 있다. 입체구조적 또는 불연속적 에피토프는 폴리펩티드 항원의 경우 일차 서열에서 분리되어 있지만 폴리펩티드가 천연 단백질/항원으로 폴딩될

때 분자의 표면 상에 함께 존재하는 2개 이상의 분산된 아미노산 잔기의 존재를 특징으로 한다(Sela, (1969) Science 166, 1365 and Laver, (1990) Cell 61,553-6). 에피토프를 형성하는 2개 이상의 분산된 아미노산 잔기는 1개 이상의 폴리펩티드 쇄의 분산된 구획 상에 존재한다. 이 잔기들은 폴리펩티드 쇄가 삼차원 구조로 폴딩될 때 분자의 표면 상에 함께 존재하여 에피토프를 구성한다. 대조적으로, 연속적 또는 선형 에피토프는 폴리펩티드 쇄의 단일 선형 분절에 존재하는 2개 이상의 분산된 아미노산 잔기로 구성된다. 본 발명에서, "환경-의존적인" CD3 에피토프는 상기 에피토프의 입체구조를 의미한다. CD3의 엡실론 쇄 상에 위치한 이러한 환경-의존적인 에피토프는 엡실론 쇄의 나머지 부분 내에 파묻혀 있고 상기 엡실론 쇄와 CD3 감마 또는 델타 쇄의 이종이량체화에 의해 정확한 위치에 존재하는 경우에만 그의 정확한 입체구조를 발생시킬 수 있다. 대조적으로, 본원에 제공된 환경-독립적인 CD3 에피토프는 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 또는 이의 기능성 단편을 지칭한다. 이 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 또는 이의 기능성 단편은 CD3 결합체 내에서 그의 천연 환경을 벗어났을 때 그의 삼차원 구조 통합성 및 정확한 입체구조를 유지한다. 따라서, CD3 엡실론의 세포외 도메인의 일부인 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 또는 이의 기능성 단편의 환경-독립성은 국제특허출원 공개 제2004/106380호에서 인간 결합 분자의 제조 방법과 관련하여 기재된 CD3 엡실론의 에피토프와는 완전히 상이한 에피토프를 나타낸다. 상기 방법은 단독으로 발현된 재조합 CD3 엡실론을 사용한다. 이 단독으로 발현된 재조합 CD3 엡실론의 입체구조는 그의 천연 형태, 즉 TCR/CD3 결합체의 CD3 엡실론 서브유니트가 TCR/CD3 결합체의 CD3 델타 또는 CD3 감마 서브유니트와의 비공유 결합체의 일부로서 존재하는 형태로 채택된 입체구조와 상이하다. 상기 단독으로 발현된 재조합 CD3 엡실론 단백질이 항체 라이브러리로부터의 항체의 선별을 위한 항원으로서 사용되는 경우, 이 항원에 대한 특이성을 나타내는 항체는 상기 라이브러리가 자가-항원/자가항원에 대한 특이성을 나타내는 항원을 함유하지 않더라도 라이브러리로부터 확인된다. 이것은 단독으로 발현된 재조합 CD3 엡실론 단백질이 생체내에 존재하지 않는다는 사실, 즉 상기 단백질이 자가항원이 아니라는 사실에 기인한다. 따라서, 이 단백질에 대한 특이성을 나타내는 항체를 발현하는 B 세포의 하위집단은 생체내에서 고갈되지 않는다. 즉, 상기 B 세포로부터 구축된 항체 라이브러리는 단독으로 발현된 재조합 CD3 엡실론 단백질에 대한 특이성을 나타내는 항체를 위한 유전 물질을 함유할 것이다.

[0098] 그러나, 환경-독립적인 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 또는 이의 기능성 단편은 그의 천연 형태로 폴딩되는 에피토프이기 때문에, 본 발명에 따른 결합 도메인은 국제특허출원 공개 제WO 2004/106380호에 기재된 방법을 기초로 한 방법에 의해 확인될 수 없다. 따라서, 국제특허출원 공개 제WO 2004/106380호에 개시된 결합 분자는 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기에 결합할 수 없다는 것은 시험에서 검증될 수 있다. 그러므로, 보편적인 항-CD3 결합 분자 또는 항-CD3 항체 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 개시된 분자)는 본원에 제공된 환경-독립적인 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 폴리펩티드 또는 이의 기능성 단편보다 더 C-말단 쪽에 존재하는 위치에서 CD3 엡실론 쇄에 결합한다. 선행 기술의 항체 분자 OKT3 및 UCHT-1도 아미노산 잔기 35 내지 85 사이에서 TCR/CD3 결합체의 엡실론-서브유니트에 대한 특이성을 나타내므로, 이 항체들의 에피토프도 더 C-말단 쪽으로 존재한다. 또한, UCHT-1은 아미노산 잔기 43 내지 77 사이의 영역에서 CD3 엡실론 쇄에 결합한다(Tunnacliffe, Int. Immunol. 1 (1989), 546-50; Kjer-Nielsen, PNAS 101, (2004), 7675-7680; Salmeron, J. Immunol. 147 (1991), 3047-52). 따라서, 선행 기술의 항-CD3 분자는 본원에 정의된 환경-독립적인 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 에피토프(또는 이의 기능성 단편)에 결합하지 못하고 상기 에피토프에 대해 유도되지 않는다. 특히, 당분야의 기술 수준은 환경-독립적인 N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기 에피토프에 특이적으로 결합하고 종간 특이적인, 즉 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 결합하는 항-CD3 분자를 제공하지 못한다.

[0099] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 포함되는 결합 도메인, 바람직하게는 인간 결합 도메인의 생성을 위해, 예를 들어, 인간 CD3 엡실론 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론(예를 들어, 짧은꼬리 원숭이 CD3 엡실론) 둘 다에 결합하는 단일클론 항체 또는 인간 및/또는 비-침팬지 영장류 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α가 사용될 수 있다.

[0100] 본원에서 사용된 "인간" 및 "남성"은 호모 사피엔스 종을 지칭한다. 본원에 기재된 구축물의 의약 용도에 관한 한, 인간 환자는 동일 분자로 치료된다.

[0101] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 상기 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인 중 하나 이상이 CDR-이식된 도메인, 인간화된 도메인 또는 인간 도메인인 것이 바람직하다. 바람직하게는, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 상기 제1 결합 도메인 및 제2 결합 도메인 둘다가 CDR-이식된 도메인, 인간화된 도메인 또는 인간 도메인이다.

[0102] 본원에서 사용된 용어 "인간" 항체는 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체가 인간 생식세포주 항체 레파토리

에 함유된 아미노산 서열을 포함함을 의미하는 것으로 이해되어야 한다. 따라서, 본원의 정의를 위해, 상기 이중특이적 단일쇄 항체는 이러한 인간 생식세포주 아미노산 서열로 구성된 경우, 즉 해당 이중특이적 단일쇄 항체의 아미노산 서열이 발현된 인간 생식세포주 아미노산 서열과 동일한 경우 인간 항체로 간주될 수 있다. 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체는 체세포 과돌연변이의 흔적으로 인해 예측되는 것보다 더 높지 않은 수준만큼 그의 가장 가까운 인간 생식세포주 서열과 상이한 서열로 구성된 경우 인간 항체로서 간주될 수도 있다. 또한, 많은 비-인간 포유동물, 예를 들어, 마우스 및 래트와 같은 설치류의 항체는 VH CDR3 아미노산 서열을 포함하는데, 상기 아미노산 서열 중 하나는 발현된 인간 항체 레파토리에서도 존재할 것으로 예측될 수 있다. 발현된 인간 레파토리에서 존재할 것으로 예측될 수 있는 인간 또는 비-인간 유래의 이러한 서열 중 임의의 서열도 본 발명의 목적상 "인간" 서열로 간주될 것이다.

[0103] 본원에서 사용된 "인간화된", "인간화", "인간-유사" 또는 이들의 문법적으로 관련된 변이체는 비-인간 항체 또는 이의 단편으로부터 유래된 1개 이상의 상보성 결정 영역("CDR")을 그의 결합 도메인들 중 1개 이상의 결합 도메인 내에 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체를 의미하기 위해 상호교환적으로 사용된다. 인간화 방법은 예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 91/09968호 및 미국 특허 제6,407,213호에 기재되어 있다. 비-제한적 예로서, 상기 용어는 1개 이상의 결합 도메인의 가변 영역이 또 다른 비-인간 동물, 예를 들어, 설치류로부터 유래된 단일 CDR 영역, 예를 들어, VH의 제3 CDR 영역(CDR-H3)을 포함하는 경우뿐만 아니라, 1 또는 2개의 가변 영역이 이들의 제1 CDR, 제2 CDR 및 제3 CDR 각각에서 상기 비-인간 동물로부터 유래된 CDR을 포함하는 경우를 포괄한다. 이중특이적 단일쇄 항체의 결합 도메인의 모든 CDR이 예를 들어, 설치류로부터 유래된 상기 CDR의 상응하는 등가물로 치환되어 있는 경우, 전형적으로 "CDR-이식"이라고 기술하고, 이 용어는 본원에서 사용된 용어 "인간화된" 또는 이의 문법적으로 관련된 변이체에 의해 포괄되는 것으로 이해되어야 한다. 용어 "인간화된" 또는 이의 문법적으로 관련된 변이체는 제1 결합 도메인 및/또는 제2 결합 도메인의 VH 및/또는 VL 이내의 1개 이상의 CDR 영역의 치환 이외에 CDR 사이의 골격("FR") 영역 이내의 1개 이상의 단일 아미노산 잔기의 추가 돌연변이(예를 들어, 치환)가 발생되어, 해당 위치에 존재하는 아미노산이 치환에 사용된 CDR 영역이 유래된 동물 내의 해당 위치에 존재하는 아미노산 해당되는 경우를 포괄한다. 당분야에 공지된 바와 같이, 이러한 개개의 돌연변이는 표적 분자를 위한 CDR-공여체로서 사용된 비-인간 항체의 원래의 결합 특이성을 회복시키기 위해 CDR-이식 후 골격 영역 내에서 종종 일어나게 한다. 용어 "인간화된"은 전술된 바와 같은 골격 영역 내의 아미노산 치환 이외에 인간 항체로부터 유래된 상응하는 CDR 영역의 아미노산으로의, 비-인간 동물로부터 유래된 CDR 영역 내의 아미노산 치환을 추가로 포함할 수 있다.

[0104] 본원에서 사용된 용어 "상동체" 또는 "상동성"은 다음과 같이 이해되어야 한다: 단백질과 DNA 사이의 상동성은 종종 서열 유사성, 특히 생물정보학 면에서의 서열 유사성을 기초로 하여 결정된다. 예를 들어, 일반적으로, 2종 이상의 유전자들이 매우 유사한 DNA 서열을 가진 경우, 상기 유전자들은 상동성을 나타낼 가능성이 높다. 그러나, 서열 유사성은 상이한 조상으로부터 발생될 수 있다: 짧은 서열이 우연히 유사할 수 있고, 특정 단백질, 전사 인자에 결합하는 서열들이 선택되었기 때문에 서열들이 유사할 수 있다. 이러한 서열들은 유사하지만 상동성을 나타내지 않는다. 상동성을 나타내는 서열 영역은 보존된 영역으로도 지칭된다. 이것은 특정 위치의 아미노산이 변경되었지만 아미노산의 물리화학적 성질이 변경되지 않은 상태로 남아 있는 아미노산 서열에서의 보존성과 혼동되지 않아야 한다. 상동성 서열들은 2종의 서열, 즉 오르톨로그성(orthologous) 및 파랄로그성(paralogous) 서열이 있다. 상동성 서열들은 이들이 특별한 사건에 의해 분리된 경우, 즉 1개의 종이 2개의 분리된 종으로 분기된 경우 오르톨로그성 서열이고, 생성된 종에서 단일 유전자의 분기 카피는 오르톨로그성 유전자로 지칭된다. 오르톨로그 또는 오르톨로그성 유전자들은 이들이 공통된 조상으로부터 유래되었기 때문에 서로 유사한 여러 종에 존재하는 유전자이다. 이 유사한 유전자들이 오르톨로그성 유전자임을 입증하는 확실한 증거는 유전자 계통의 계통발생학적 분석의 결과이다. 한 분기군(clade) 내에서 발견되는 유전자들은 공통된 조상으로부터 분기된 오르톨로그이다. 오르톨로그는 항상은 아니지만 종종 동일한 기능을 수행한다. 오르톨로그성 서열들은 유기체의 분류학적 분류 연구에서 유용한 정보를 제공한다. 유전적 분기의 패턴을 이용하여 유기체의 관련성을 추적할 수 있다. 매우 밀접하게 관련되어 있는 2종의 유기체는 2종의 오르톨로그 사이에 매우 유사한 DNA 서열을 나타낼 가능성이 높다. 대조적으로, 또 다른 유기체로부터 발생학적으로 더 분리된 유기체는 연구되는 오르톨로그의 서열에서 더 높은 분기성을 나타낼 가능성이 높다. 상동성 서열들은 이 서열들이 유전자 중복 사건에 의해 분리된 경우 파랄로그성 서열이다: 유기체 내의 1개의 유전자가 동일한 게놈 내의 2개 이상의 상이한 위치를 차지하도록 중복적으로 존재하는 경우, 2개의 카피는 파랄로그성 유전자이다. 파랄로그성 서열인 서열 세트는 서로 파랄로그로 지칭된다. 파랄로그는 전형적으로 동일하거나 유사한 기능을 수행하지만 종종 그러하지 못한다: 중복된 유전자의 1개 카피에 대한 원래의 선별 압력의 결여로 인해, 이 카피가 자유롭게 돌연변이되어 새로운 기능을 획득한다. 일례가 래트 및 마우스와 같은 설치류에서 발견될 수 있다.

설치류는 기능에서의 어떠한 분기가 일어난 지 분명하지 않지만 1쌍의 파랄로그성 인슐린 유전자를 가진다. 파랄로그성 유전자는 종종 동일한 종에 속하지만 반드시 그러한 것은 아니다: 예를 들어, 인간의 헤모글로빈 유전자와 침팬지의 미요글로빈 유전자는 파랄로그이다. 이것은 생물정보 면에서 공통된 문제점이다: 여러 상이한 종들의 게놈이 서열분석되고 상동성 유전자들이 발견된 경우, 이 유전자들이 동일하거나 유사한 기능을 수행한다고 즉시 결론지을 수 없는데, 이는 상기 유전자들이 분기된 기능을 가진 파랄로그일 수 있기 때문이다.

[0105] 본원에서 사용된 "비-침팬지 영장류" 또는 "비-침프 영장류" 또는 이들의 문법적 변이체는 침팬지, 즉 침팬지 속에 속하고 안쓰로포피테쿠스 트로글로다이테스(*Anthropopithecus troglodytes*) 또는 시미아 사티루스(*Simia satyrus*)로도 공지되어 있는 판 판니스쿠스(*Pan paniscus*) 및 판 트로글로다이테스(*Pan troglodytes*) 종을 포함하는 동물 이외의 임의의 영장류 동물(즉, 인간이 아닌 동물)을 지칭한다. 그러나, 본 발명의 항체가 그의 제1 결합 도메인 및/또는 제2 결합 도메인을 이용하여 상기 침팬지들의 에피토프/단편 등에 결합할 수도 있음을 인식할 것이다. 침팬지를 제외한 것은 단지 침팬지를 사용하여 수행하는 동물 시험을 필요에 따라 피하기 위한 것이다. 따라서, 또 다른 실시양태에서 본 발명의 항체가 그의 제1 결합 도메인 및/또는 제2 결합 도메인을 이용하여 침팬지 에피토프 각각에 결합하는 것도 예상된다. "영장류", "영장류 종", "영장류들" 또는 이들의 문법적 변이체는 원원류(prosimians) 및 유인원이라는 2개의 하위목으로 분류되고 유인원, 원숭이 및 여우원숭이를 포함하는 태반 포유류(eutherian) 목을 지칭한다. 구체적으로, 본원에서 사용된 "영장류"는 레무리포르메스(*Lemuriformes*) 하목(infraorder)(그 자체가 세이로갈레오이데아(*Cheirogaleoidea*) 및 레무로이데아(*Lemuroidea*) 상과족을 포함함), 키로마이포르메스(*Chiromyiformes*) 하목(그 자체가 다우벤토니이대(*Daubentoniidae*) 족을 포함함) 및 로리시포르메스(*Lorisiformes*) 하목(그 자체가 로리시대(*Lorisidae*) 및 갈라기대(*Galagidae*) 족을 포함함)을 포함하는 스트렙시리니(*Strepsirrhini*)(비-타르시에르 원원류) 하위목을 포함한다. 본원에서 사용된 "영장류"는 타르시이포르메스(*Tarsiiformes*) 하목(그 자체가 타르시이대(*Tarsiidae*) 족을 포함함), 및 시미이포르메스(*Simiiformes*) 하목(그 자체가 플라티리니(*Platyrrhini*) 또는 서반구 원숭이, 및 세르코피테시데아(*Cercopithecidea*)를 포함하는 카타리니(*Catarrhini*) 또는 동반구 원숭이를 포함함)을 포함하는 하플로리니(*Haplorrhini*) 하위목도 포함한다.

[0106] 비-침팬지 영장류 종은 본 발명의 의미 내에서 여우원숭이, 안경원숭이, 긴팔원숭이, 마모셋(세비대(*Cebidae*) 족의 서반구 원숭이에 속함) 또는 동반구 원숭이(세르코피테시데아 상과족에 속함)인 것으로 이해될 수 있다.

[0107] 본원에서 사용된 "동반구 원숭이"는 그 자체가 하기 족으로 더 분류되는 세르코피테코이데아 상과족에 속하는 임의의 원숭이를 포함한다: 주로 아프리카에 서식하지만 아시아 및 북아메리카에 서식하는 다양한 짧은꼬리 원숭이 속을 포함하는 세르코피테시내(*Cercopithecinae*); 및 아시아 속의 대다수를 포함하나 아프리카 콜로부스 원숭이도 포함하는 콜로비내(*Colobinae*).

[0108] 구체적으로, 세로코피테시내 상과족 내에서, 유리한 비-침팬지 영장류는 알레노피테쿠스(*Allenopithecus*) 속(알렌스 스왐프 원숭이, 알레노피테쿠스 니그로비리디스(*Allenopithecus nigroviridis*)); 미오피테쿠스 속(앙골란 탈로포인(*Angolan Talapoin*), 미오피테쿠스 탈로포인(*Miopithecus talapoin*), 가본 탈로포인(*Gabon Talapoin*), 미오피테쿠스 오고우엔시스(*Miopithecus ogouensis*)); 에리쓰로세부스(*Erythrocebus*) 속(파타스(Patas) 원숭이, 에리스로세부스 파타스(*Erythrocebus patas*)); 클로로세부스(*Chlorocebus*) 속(녹색 원숭이, 클로로세부스 사바세우스(*Chlorocebus sabaceus*), 그리베트(Grivet), 클로로세부스 애티오프스(*Chlorocebus aethiops*), 베일 마운틴스 베르베트(Bale Mountains Vervet), 클로로세부스 잠잠엔시스(*Chlorocebus djamdjamensis*), 탄탈루스(Tantalus) 원숭이, 클로로세부스 탄탈루스(*Chlorocebus tantalus*), 베르베트 원숭이, 클로로세부스 피게리쓰루스(*Chlorocebus pygerythrus*), 말브룩(Malbrouck), 클로로세부스 시노수로스(*Chlorocebus cynosuros*); 또는 세르코피테쿠스 속(드라이아스(Dryas) 원숭이 또는 살롱고(Salongo) 원숭이, 세르코피테쿠스 드라이아스; 다이아나(Diana) 원숭이, 세르코피테쿠스 다이아나; 롤로웨이(Roloway) 원숭이, 세르코피테쿠스 롤로웨이(*Cercopithecus roloway*); 큰점-코(Greater Spot-nosed) 원숭이, 세르코피테쿠스 닉티탄스(*Cercopithecus nictitans*); 청색 원숭이, 세르코피테쿠스 미티스(*Cercopithecus mitis*); 실버 원숭이, 세르코피테쿠스 도게티(*Cercopithecus doggetti*); 골든 원숭이, 세르코피테쿠스 칸드티(*Cercopithecus kandti*); 사이케스(Sykes) 원숭이, 세르코피테쿠스 알보굴라리스(*Cercopithecus albogularis*); 모나(Mona) 원숭이, 세르코피테쿠스 모나(*Cercopithecus mona*); 캠프벨 모나 원숭이, 세르코피테쿠스 캠프벨(*Cercopithecus campbelli*); 로웨스 모나 원숭이, 세르코피테쿠스 로웨이(*Cercopithecus lowei*); 크레스티드(Crested) 모나 원숭이, 세르코피테쿠스 포고니아스(*Cercopithecus pogonias*); 울프 모나 원숭이, 세르코피테쿠스 울피(*Cercopithecus wolfi*); 덴트 모나 원숭이, 세르코피테쿠스 덴티(*Cercopithecus denti*); 얼룩점-코 원숭이, 세르코피테쿠스 페타우리스타(*Cercopithecus petaurista*); 흰목긴꼬리감기 원숭이(White-throated Guenon), 세르코피테쿠스 에리

쓰로가스터(*Cercopithecus erythrogaster*); 스칼라터 긴꼬리 원숭이, 세르코피테쿠스 스칼라테리(*Cercopithecus sclateri*); 붉은 귀 긴꼬리 원숭이, 세르코피테쿠스 에리쓰로티스(*Cercopithecus erythrotis*); 모우스타치드(Moustached) 긴꼬리 원숭이, 세르코피테쿠스 세푸스(*Cercopithecus cephus*); 붉은색-꼬리 원숭이, 세르코피테쿠스 아스카니우스(*Cercopithecus ascanius*); 엘호에스트(L'Hoest's) 원숭이, 세르코피테쿠스 이호에스티(*Cercopithecus lhoesti*); 프레우스 원숭이, 세르코피테쿠스 프레우스시(*Cercopithecus preussi*); 태양-꼬리 원숭이, 세르코피테쿠스 솔라투스(*Cercopithecus solatus*); 햄린(Hamlyn's) 원숭이 또는 올빼미-얼굴 원숭이, 세르코피테쿠스 햄리니(*Cercopithecus hamlyni*); 데 브라자(De Brazza's) 원숭이, 세르코피테쿠스 네글렉투스(*Cercopithecus neglectus*))에 속하는 세로피테시니(*Cercopithecini*) 군으로부터 유래될 수 있다.

[0109] 대안적으로, 세르코피테시내 상과족에 속하지만 파피오니니(*Papionini*) 류에 속하는 유리한 비-침팬지 영장류는 마카카 속(바바리(Barbary) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 실바누스(*Macaca sylvanus*); 사자-꼬리 짧은꼬리 원숭이, 마카카 실레누스(*Macaca silenus*); 남반구 돼지-꼬리 짧은꼬리 원숭이 또는 버룩크(Beruk), 마카카 네메스트리나(*Macaca nemestrina*); 북반구 돼지-꼬리 짧은꼬리 원숭이, 마카카 레오니나(*Macaca leonina*); 파가이 아일랜드 짧은꼬리 원숭이 또는 복코이(Bokkoi), 마카카 파겐시스(*Macaca pagensis*); 시베루트(Siberut) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 시베루(*Macaca siberu*); 무어(Moor) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 마우라(*Macaca maura*); 보티드(Booted) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 오크레아타(*Macaca ochreata*); 톤킨(Tonkean) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 톤키아나(*Macaca tonkeana*); 헥스 짧은꼬리 원숭이, 마카카 헥키(*Macaca hecki*); 고론탈로(Gorontalo) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 니그리센스(*Macaca nigriscens*); 셀레베스 크레스티드(Celebes Crested) 짧은꼬리 원숭이 또는 블랙 "유인원", 마카카 니그라(*Macaca nigra*); 시아노몰구스 원숭이 또는 게잡이 짧은꼬리 원숭이 또는 긴꼬리 짧은꼬리 원숭이 또는 케라(Keera), 마카카 파시쿨라리스; 스텀프-꼬리(Stump-tailed) 짧은꼬리 원숭이 또는 베어 짧은꼬리 원숭이, 마카카 아크토이데스(*Macaca arctoides*); 붉은털 짧은꼬리 원숭이, 마카카 물라타; 포르모산 락(Formosan Rock) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 사이클로피스(*Macaca cyclopis*); 일본 짧은꼬리 원숭이, 마카카 푸스카타(*Macaca fuscata*); 토크(Toque) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 시니카(*Macaca sinica*); 보네트(Bonnet) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 라디아타(*Macaca radiata*); 바르바리짧은꼬리 원숭이, 마카카 실반무스(*Macaca sylvanmus*); 아삼(Assam) 짧은꼬리 원숭이, 마카카 아사멘시스(*Macaca assamensis*); 티베탄(Tibetan) 짧은꼬리 원숭이 또는 밀른-에드워즈 짧은꼬리 원숭이, 마카카 티베타나(*Macaca thibetana*); 아루나칼(Arunachal) 짧은꼬리 원숭이 또는 문잘라(Munzala), 마카카 문잘라(*Macaca munzala*)); 로포세부스(*Lophocebus*) 속(회색뺨 망가베이(Mangabey), 로포세부스 알비게나(*Lophocebus albigena*); 로포세부스 알비게나 알비게나(*Lophocebus albigena albigena*); 로포세부스 알비게나 오스마니(*Lophocebus albigena osmani*); 로포세부스 알비게나 존스토니(*Lophocebus albigena johnstoni*); 블랙 크레스티드(Black Crested) 망가베이, 로포세부스 아테리무스(*Lophocebus aterrimus*); 옵덴보슈(Opdenbosch's) 망가베이, 로포세부스 옵덴보쉬(*Lophocebus opdenboschi*); 하이랜드 망가베이, 로포세부스 키푼지(*Lophocebus kipunji*)); 파이오(*Papio*) 속(하마드라이아스 개코원숭이, 파피오 하마드라이아스(*Papio hamadryas*); 귀니아 개코원숭이, 파피오 파피오(*Papio papio*); 올리브 개코원숭이, 파피오 아누비스(*Papio anubis*); 황색 개코원숭이, 파피오 시아노세팔루스(*Papio cynocephalus*); 참크마(Chacma) 개코원숭이, 파피오 우르시누스(*Papio ursinus*)); 테로피테쿠스(*Theropithecus*)(겔라다(Gelada), 테로피테쿠스 겔라다(*Theropithecus gelada*)); 세르코세부스(*Cercocebus*) 속(수티(Sooty) 망가베이, 세르코세부스 아티스(*Cercocebus atys*); 세르코세부스 아티스 아티스(*Cercocebus atys atys*); 세르코세부스 아티스 루눌라투스(*Cercocebus atys lunulatus*); 콜라레드(Collared) 망가베이, 세르코세부스 토르쿠아투스(*Cercocebus torquatus*); 아질(Agile) 망가베이, 세르코세부스 아질리스(*Cercocebus agilis*); 골든-벨리에드(Golden-bellied) 망가베이, 세르코세부스 크리소가스터(*Cercocebus chrysogaster*); 타나 리버 망가베이, 세르코세부스 갈레리투스(*Cercocebus galeritus*); 산제(Sanje) 망가베이, 세르코세부스 산제이(*Cercocebus sanjei*)); 또는 만드릴루스(*Mandrillus*) 속(만드릴, 만드릴루스 스피닉스(*Mandrillus sphinx*); 드릴, 만드릴루스 레우코패우스(*Mandrillus leucophaeus*))으로부터 유래될 수 있다.

[0110] 마카카 파시쿨라리스(시아노몰구스 원숭이로도 공지되어 있으므로, 실시예에서는 "시아노몰구스"로 명명됨) 및 마카카 물라타(붉은털 원숭이, "붉은털"로 명명됨)이다.

[0111] 콜로비내(*Colobinae*) 상과족 내에서, 유리한 비-침팬지 영장류는 콜로부스 속(블랙 콜로부스, 콜로부스 산타나스(*Colobus satanas*); 앙골라 콜로부스, 콜로부스 앙골렌시스(*Colobus angolensis*); 킹 콜로부스, 콜로부스 폴리코모스(*Colobus polykomos*); 우르신 콜로부스(Ursine Colobus), 콜로부스 벨레로수스(*Colobus vellerosus*); 맨틀레드 구에레자(Mantled Guereza), 콜로부스 구에레자(*Colobus guereza*)); 필리오콜로부스(*Piliocolobus*) 속(웨스턴 레드 콜로부스, 필리오콜로부스 바디우스(*Piliocolobus badius*); 필리오콜로부스 바디우스 바디우스(*Piliocolobus badius badius*); 필리오콜로부스 바디우스 템민키이(*Piliocolobus badius temminckii*); 필리오

콜로부스 바디우스 왈드로내(*Piliocolobus badius waldronae*); 펜난트(Pennant's) 콜로부스, 필리오콜로부스 펜난티이(*Piliocolobus pennantii*); 필리오콜로부스 펜난티이 펜난티이(*Piliocolobus pennantii pennantii*); 필리오콜로부스 펜난티이 에피에니(*Piliocolobus pennantii epieni*); 필리오콜로부스 펜난티이 부우비에리(*Piliocolobus pennantii bouvieri*); 프레우스 레드 콜로부스, 필리오콜로부스 프레우스시(*Piliocolobus preussi*); 톨론스(Thollon's) 레드 콜로부스, 필리오콜로부스 톨로니(*Piliocolobus tholloni*); 중앙 아프리카 레드 콜로부스, 필리오콜로부스 포아이(*Piliocolobus foai*); 필리오콜로부스 포아이 포아이(*Piliocolobus foai foai*); 필리오콜로부스 포아이 엘리오티(*Piliocolobus foai ellioti*); 필리오콜로부스 포아이 오우스탈레티(*Piliocolobus foai oustaleti*); 필리오콜로부스 포아이 셈리키엔시스(*Piliocolobus foai semlikiensis*); 필리오콜로부스 포아이 파멘티에로룸(*Piliocolobus foai parmentierorum*); 우간단 레드 콜로부스, 필리오콜로부스 테프로스셀레스(*Piliocolobus tephrosceles*); 우징가 레드(Uzyngwa Red) 콜로부스, 필리오콜로부스 고르도노룸(*Piliocolobus gordonorum*); 잔지바 레드(Zanzibar Red) 콜로부스, 필리오콜로부스 키르키이(*Piliocolobus kirkii*); 타나 리버 레드 콜로부스, 필리오콜로부스 루포미트라투스(*Piliocolobus rufomitratus*)); 또는 프로콜로부스(*Procolobus*) 속(올리브 콜로부스, 프로콜로부스 베루스(*Procolobus verus*))에 속하는 아프리카 군으로부터 유래될 수 있다.

[0112] 대안적으로, 콜로비내 상과족 내에서, 유리한 비-침팬지 영장류는 셈노피테쿠스(*Semnopithecus*) 속(네팔 회색 랑구르(Langur), 셈노피테쿠스 스키스타세우스(*Semnopithecus schistaceus*); 카쉬미르 회색 랑구르, 셈노피테쿠스 아작스(*Semnopithecus ajax*); 타라이 회색 랑구르, 셈노피테쿠스 헥터(*Semnopithecus hector*); 북반구 평원 회색 랑구르, 셈노피테쿠스 엔텔루스(*Semnopithecus entellus*); 검은-발 회색 랑구르, 셈노피테쿠스 히포레우코스(*Semnopithecus hypoleucos*); 남반구 평원 회색 랑구르, 셈노피테쿠스 두스수미에리(*Semnopithecus dussumieri*); 술을 단(Tufted) 회색 랑구르, 셈노피테쿠스 프리암(*Semnopithecus priam*)); 트라키피테쿠스(*Trachypithecus*) 속의 트라키피테구스 베툴루스(*Trachypithecus vetulus*) 군(자주색-안면 랑구르, 트라키피테쿠스 베툴루스; 닐기리 랑구르, 트라키피테쿠스 존니이(*Trachypithecus johnii*)); 트라키피테쿠스 속의 트라키피테쿠스 크리스타투스(*Trachypithecus cristatus*) 군(자반 루퉁(Javan Lutung), 트라키피테쿠스 아우라투스(*Trachypithecus auratus*); 은백색 잎 원숭이 또는 은백색 루퉁, 트라키피테쿠스 크리스타투스; 인도키네스 루퉁, 트라키피테쿠스 게르마이니(*Trachypithecus germaini*); 테나스세림 루퉁(Tenasserim Lutung), 트라키피테쿠스 바르베이(*Trachypithecus barbei*)); 트라키피테쿠스 속의 트라키피테쿠스 오브스쿠루스(*Trachypithecus obscurus*) 군(더스키 잎 원숭이 또는 안경 모양의 얼룩점 잎 원숭이, 트라키피테쿠스 오브스쿠루스; 파이레스(Phayre's) 잎 원숭이, 트라키피테쿠스 파이레이(*Trachypithecus phayrei*)); 트라키피테쿠스 속의 트라키피테쿠스 필레아투스(*Trachypithecus pileatus*) 군(캡 랑구르, 트라키피테쿠스 필레아투스; 쇼트리지(Shortridge's) 랑구르, 트라키피테쿠스 쇼트리지이(*Trachypithecus shortridgei*); 지스 골든(Gee's Golden) 랑구르, 트라키피테쿠스 지이(*Trachypithecus geei*)); 트라키피테쿠스 속의 트라키피테쿠스 프란코이시(*Trachypithecus francoisi*) 군(프란코이스 랑구르, 트라키피테쿠스 프란코이시; 하틴(Hatinh) 랑구르, 트라키피테쿠스 하틴헨시스(*Trachypithecus hatinhensis*); 흰색-머리 랑구르, 트라키피테쿠스 폴리오세팔루스(*Trachypithecus poliocephalus*); 라오티안(Laotian) 랑구르, 트라키피테쿠스 라오툼(*Trachypithecus laotum*); 델라코우르스(Delacour's) 랑구르, 트라키피테쿠스 델라코우리(*Trachypithecus delacouri*); 인도키네스 블랙 랑구르, 트라키피테쿠스 에베누스(*Trachypithecus ebenus*)); 또는 프레스비티스(*Presbytis*) 속(수마트란 수릴리(Sumatran Surili), 프레스비티스 말라로포스(*Presbytis melalophos*); 밴디드(Banded) 수릴리, 프레스비티스 페모랄리스(*Presbytis femoralis*); 사라와크 수릴리, 프레스비티스 크리소멜라스(*Presbytis chrysomelas*); 흰색-넓적다리 수릴리, 프레스비티스 시아멘시스(*Presbytis siamensis*); 흰색-정면 수릴리, 프레스비티스 프론타타(*Presbytis frontata*); 자반 수릴리, 프레스비티스 코마타(*Presbytis comata*); 토마스(Thomas's) 랑구르, 프레스비티스 토마시(*Presbytis thomasi*); 호스(Hose's) 랑구르, 프레스비티스 호세이(*Presbytis hosei*); 마룬(Maroon) 잎 원숭이, 프레스비티스 루비쿤다(*Presbytis rubicunda*); 멘타와이 랑구르 또는 조자(Joja), 프레스비티스 포텐지아니(*Presbytis potenziani*); 나투나 아일랜드 수릴리, 프레스비티스 나투내(*Presbytis natunae*))에 속하는 랑구르(잎 원숭이) 군으로부터 유래될 수 있다.

[0113] 대안적으로, 콜로비내(*Colobinae*) 상과 내에서, 유리한 비-침팬지 영장류는 피가트릭스(*Pygathrix*) 속(붉은색-정강이 도우크(Douc), 피가트릭스 네매우스(*Pygathrix nemaeus*); 검은색-정강이 도우크, 피가트릭스 니그리페스(*Pygathrix nigripes*); 회색-정강이 도우크, 피가트릭스 시네레아(*Pygathrix cinerea*); 리노피테쿠스(*Rhinopithecus*) 속(금색 넓적코 원숭이, 리노피테쿠스 록셀라나(*Rhinopithecus roxellana*); 검은색 넓적코 원숭이, 리노피테쿠스 비에티(*Rhinopithecus bieti*); 회색 넓적코 원숭이, 리노피테쿠스 브렐리키(*Rhinopithecus brelichi*); 톤킨 넓적코 랑구르, 리노피테쿠스 아분쿨루스(*Rhinopithecus avunculus*)); 나살리스(*Nasalis*) 속

(프로보스시스(Proboscis) 원숭이, 나살리스 라르바투스(*Nasalis larvatus*)); 또는 시미아스(*Simias*) 속(돼지-꼬리 랑구르, 시미아스 콘콜로르(*Simias concolor*))에 속하는 오드-노스(Odd-Nosed) 군으로부터 유래될 수 있다.

[0114] 본원에서 사용된 용어 "마모셋"은 칼리트릭스(*Callithrix*) 속의 임의의 서반구 원숭이, 예를 들어, 아틀란틱 마모셋 하위속의 아틀란틱 마모셋(통상적인 마모셋, 칼리트릭스(칼리트릭스) 자쿠스; 블랙-술 달린 마모셋, 칼리트릭스 (칼리트릭스) 페니실라타(*Callithrix (Callithrix) penicillata*); 위드(Wied's) 마모셋, 칼리트릭스 (칼리트릭스) 쿨리이(*Callithrix (Callithrix) kuhlii*); 흰색-머리 마모셋, 칼리트릭스 (칼리트릭스) 게오프프로이이(*Callithrix (Callithrix) geoffroyi*); 담황갈색-머리 마모셋, 칼리트릭스 (칼리트릭스) 플라비셉스(*Callithrix (Callithrix) flaviceps*); 담황갈색-술 달린 마모셋, 칼리트릭스 (칼리트릭스) 아우리타(*Callithrix (Callithrix) aurita*)); 미코(Mico) 하위속의 아마존 마모셋(리오 아카리(Rio Acari) 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 아카리엔시스(*Callithrix (Mico) acariensis*); 매니코레 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 매니코렌시스(*Callithrix (Mico) manicorensis*); 은백색 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 아르겐타타(*Callithrix (Mico) argentata*); 흰색 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 레우시프(*Callithrix (Mico) leucippe*); 에밀리아(Emilia's) 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 에밀리애(*Callithrix (Mico) emiliae*); 검은색-머리 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 니그리셉스(*Callithrix (Mico) nigriceps*); 마르카(Marca's) 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 마르카이(*Callithrix (Mico)marcai*); 검은색-꼬리 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 멜라누라(*Callithrix (Mico) melanura*); 산타렘(Santarem) 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 후메랄리페라(*Callithrix (Mico) humeralifera*); 마우에스(Maues) 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 마우에시(*Callithrix (Mico) mauesi*); 금백색 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 크리솔레우카(*Callithrix (Mico) chrysoleuca*); 헤르쉬코비츠(Hershkovitz's) 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 인터미디아(*Callithrix (Mico) intermedia*); 사테레(Satere) 마모셋, 칼리트릭스 (미코) 사테레이(*Callithrix (Mico) saterei*)); 칼리벨라(*Callibella*) 하위속에 속하는 루스말렌스 드와프(Roosmalens' Dwarf) 마모셋(칼리트릭스 (칼리벨라) 후밀리스*Callithrix* (*Callibella) humilis*)); 또는 세부엘라 하위속에 속하는 피그미 마모셋(칼리트릭스 (세부엘라) 피그매아(*Callithrix (Cebuella) pygmaea*))에 속하는 임의의 서반구 원숭이를 의미한다.

[0115] 서반구 원숭이의 다른 속은 사귀이누스 속의 타마린스(사귀너스 오에디퍼스(*Saguinus oedipus*) 군, 사귀이누스 미다스(*Saguinus midas*) 군, 사귀이누스 니그리콜리스(*Saguinus nigricollis*) 군, 사귀이누스 미스탁스(*Saguinus mystax*) 군, 사귀이누스 비콜로르(*Saguinus bicolor*) 군 및 사귀이누스 이누스투스(*Saguinus inustus*) 군) 및 사미리(*Samiri*) 속의 다람쥐 원숭이(예를 들어, 사이미리 시우레우스(*Saimiri sciureus*), 사이미리 오에르스테디이(*Saimiri oerstedii*), 사이미리 우스투스(*Saimiri ustus*), 사이미리 볼리비엔시스(*Saimiri boliviensis*), 사이미리 반졸리니(*Saimiri vanzolini*))를 포함한다.

[0116] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 바람직한 실시양태에서, 비-침팬지 영장류는 동반구 원숭이이다. 폴리펩티드의 보다 바람직한 실시양태에서, 동반구 원숭이는 파피오 속또는 짧은꼬리 원숭이 속에 속하는 원숭이이다. 가장 바람직하게는, 짧은꼬리 원숭이 속에 속하는 원숭이는 아사메스 짧은꼬리 원숭이(마카카 아사멘시스), 바르바리 짧은꼬리 원숭이(마카카 실바누스), 본넷 짧은꼬리 원숭이(마카카 라디아타), 부티드(Booted) 또는 술라웨시-부티드(Sulawesi-Booted) 짧은꼬리 원숭이(마카카 오크레아타), 술라웨시-크레스티드(Sulawesi-crested) 짧은꼬리 원숭이(마카카 니그라), 포르모산 록 짧은꼬리 원숭이(마카카 사이클롭시스), 일본 눈 짧은꼬리 원숭이 또는 일본 짧은꼬리 원숭이(마카카 푸스카타), 시아노몰루스 원숭이 또는 게잡이 짧은꼬리 원숭이 또는 긴꼬리 짧은꼬리 원숭이 또는 자바 짧은꼬리 원숭이(마카카 파시쿨라리스), 사자-꼬리 짧은꼬리 원숭이(마카카 실레누스), 돼지-꼬리 짧은꼬리 원숭이(마카카 네메스트리나), 붉은털 짧은꼬리 원숭이(마카카 물라타), 티베탄 짧은꼬리 원숭이(마카카 티베타나), 톤킨 짧은꼬리 원숭이(마카카 톤키나), 토크 짧은꼬리 원숭이(마카카 시니카), 스텀프-꼬리 짧은꼬리 원숭이 또는 붉은-얼굴 짧은꼬리 원숭이 또는 곰 원숭이(마카카 아크토이데스), 또는 모르(Moor) 짧은꼬리 원숭이(마카카 마우루스)이다. 가장 바람직하게는 파피오 속의 원숭이는 하마드라이아스 개코원숭이, 파피오 하마드라이아스; 귀이니아 개코원숭이, 파피오 파피오; 올리브 개코원숭이, 파피오 아누비스, 황색 개코원숭이, 파피오 시아노세팔루스; 참크마 개코원숭이, 파피오 우르시누스이다.

[0117] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 대안적으로 바람직한 실시양태에서, 비-침팬지 영장류는 서반구 원숭이이다. 폴리펩티드의 보다 바람직한 실시양태에서, 서반구 원숭이는 칼리트릭스 속(마모셋) 또는 사귀이누스 속 또는 사미리 속의 원숭이이다. 가장 바람직하게는, 칼리트릭스 속의 원숭이는 칼리트릭스 자쿠스이고, 사귀이누스 속의 원숭이는 사귀너스 오에디퍼스이고, 사미리 속의 원숭이는 사이미리 시우레우스이다.

[0118] 본원에서 사용된 용어 "세포 표면 항원"은 세포의 표면에 제시되는 분자를 의미한다. 대다수의 경우, 이 분자는 이 분자의 적어도 일부가 삼차 구조 형태로 세포 외부로부터 접근될 수 있는 상태로 남아 있도록 세포의 원

형질막 내에 또는 원형질막 상에 위치할 것이다. 원형질막 내에 위치한 세포 표면 분자의 비-제한적 예는 그의 삼차 입체구조에서 친수성 영역 및 소수성 영역을 포함하는 경막 단백질이다. 이때, 1개 이상의 소수성 영역은 세포 표면 분자가 세포의 소수성 원형질막에 파묻혀 있거나 내부에 삽입되어 있게 하는 반면, 친수성 영역은 원형질막의 어느 한쪽 면 상에서 세포질 또는 세포외 공간 내로 뻗어 있다. 원형질막 상에 위치하는 세포 표면 분자의 비-제한적 예는 팔미토일 기를 보유하도록 시스테인 잔기에서 변경되어 있는 단백질, 파르네실 기를 보유하도록 C-말단 시스테인 잔기에서 변경되어 있는 단백질, 또는 글리코실 포스파티딜 이노시톨("GPI") 고착제를 보유하도록 C-말단에서 변경되어 있는 단백질이다. 상기 기들은 단백질과 원형질막의 외면 사이의 공유결합을 가능하게 하고, 세포외 분자, 예컨대, 항체에 의한 인식을 위해 접근될 수 있는 상태로 남아 있다. 세포 표면 항원의 예는 CD3 엡실론 및 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α이다.

[0119] 전술된 바와 같이, PSCA는 전립선암, 방광암 및 췌장암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 암의 치료를 위한 표적물인 세포 표면 항원이다.

[0120] 또한, 전술된 바와 같이, CD19는 B 세포 악성 종양, 예컨대, 비-호지킨 림프종, B 세포 매개 자가면역 질환 또는 B 세포의 고갈을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 암의 치료를 위한 표적물인 세포 표면 항원이다.

[0121] 마찬가지로, 전술된 바와 같이, c-MET는 암종, 육종, 교모세포종/성상아교세포종, 흑색종, 중피종, 윌름스 종양 또는 조혈 악성 종양, 예컨대, 백혈병, 림프종 또는 다발성 골수종을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 암의 치료를 위한 표적물인 세포 표면 항원이다.

[0122] 또한, 전술된 바와 같이, 엔도시알린은 암종(유방, 신장, 폐, 결장직장, 결장 또는 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 암의 치료를 위한 표적인 세포 표면 항원이다.

[0123] 마찬가지로, 전술된 바와 같이, EpCAM은 상피암 또는 최소 잔류 암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 암의 치료를 위한 표적인 세포 표면 항원이다.

[0124] 나아가, 전술된 바와 같이, FAP α는 상피암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 암의 치료를 위한 표적인 세포 표면 항원이다.

[0125] 또한, 전술된 바와 같이, IGF-1R은 골 또는 연 조직 암(예를 들어, 에윙 육종), 유방암, 간암, 폐암, 두경부암, 결장직장암, 전립선암, 평활근육종, 자궁암, 자궁내막암, 난소암 및 췌장암을 포함하나 이들로 한정되지 않는 다양한 암, 및 바람직하게는 건선을 포함하나 이로 한정되지 않는 자가면역 질환의 치료를 위한 표적물인 세포 표면 항원이다.

[0126] 전술된 바에 비추어, PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAP α도 종양 항원으로서 특징규명될 수 있다. 본원에서 사용된 용어 "종양 항원"은 종양 세포 상에 제시되는 항원으로서 이해될 수 있다. 이 항원은 종종 경막과 조합될 수 있는 세포외 부분 및 분자의 세포질 부분을 가지면서 세포 표면 상에 제시될 수 있다. 이 항원은 종종 종양 세포에 의해서만 제시될 수 있고 정상 세포에 의해서는 제시될 수 없다. 종양 항원은 종양 세포 상에서만 발현될 수 있거나 정상 세포에 비해 종양 특이적 돌연변이를 나타낼 수 있다. 이 경우, 종양 항원은 종양-특이적 항원으로 지칭된다. 보다 통상적인 항원은 종양 세포 및 정상 세포에 의해 제시되는 항원이고, 이 항원은 종양-관련 항원으로 지칭된다. 이 종양-관련 항원은 정상 세포에 비해 과발현될 수 있거나 정상 조직에 비해 종양 조직의 보다 덜 압축된 구조로 인해 종양 세포에서 항체 결합에 대해 접급될 수 있다. 본 발명에 따른 종양 항원의 예는 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 및 FAP α이다.

[0127] 전술된 바와 같이, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 제1 결합 도메인을 통해 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합하고, 이때 상기 에피토프는 서열번호 2, 4, 6 또는 8에 기재된 27개 아미노산 잔기로 구성된 군에 포함된 아미노산 서열의 일부 또는 이의 기능성 단편이다.

[0128] 본 발명에 따르면, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우 상기 에피토프가 26, 25, 24, 23, 22, 21, 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10, 9, 8, 7, 6 또는 5개의 아미노산을 포함하는 아미노산 서열의 일부인 것이 바람직하다.

[0129] 더 바람직하게는, 상기 에피토프는 적어도 아미노산 서열 Gln-Asp-Gly-Asn-Glu(Q-D-G-N-E)를 포함한다.

[0130] *본 발명에서, N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기의 기능성 단편은 이 기능성 단편이 CD3 결합체 형태로 그의 천연 환경으로부터 나왔을 때(그리고, 예를 들어, 실시예 3.1에 기재된 바와 같이 이종 아미노산 서열, 예컨대, EpCAM 또는 면역글로불린 Fc 부분에 융합되었을 때) 그의 3차원 구조 통합성을 유지하는 환경-독립적인 에피토

프임을 의미한다. CD3 엡실론의 27개 아미노산 N-말단 폴리펩티드 또는 이의 기능성 단편 내에서 3차원 구조의 유지는 시험관내에서 N-말단 CD3 엡실론 폴리펩티드 단편에 결합하고 동일한 결합 친화성으로 생체내에서 T 세포 상의 천연(CD3 엡실론 서브유니트) CD3 결합체에 결합하는 결합 도메인의 생성을 위해 사용될 수 있다. 본 발명에서, N-말단 1 내지 27 아미노산 잔기의 기능성 단편은 본원에 제공된 CD3 결합 도메인이 환경-독립적인 방식으로 상기 기능성 단편에 여전히 결합할 수 있음을 의미한다. 당업자는 에피토프의 어떤 아미노산 잔기가 이러한 항-CD3 결합 도메인에 의해 인식되는 지를 확인하기 위한 에피토프 맵핑 방법(에를 들어, 알라닌 스캐닝; 실시예 참조)을 인식하고 있다.

[0131] 본 발명의 한 실시양태에서, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 (제1) 결합 도메인 및 세포 표면 항원 PSCA에 결합할 수 있는 제2 결합 도메인을 포함한다. 본 발명의 대안적 실시양태에서, 상기 제2 결합 도메인은 세포 표면 항원 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 결합할 수 있다.

[0132] 본 발명에서, 제2 결합 도메인이 인간 세포 표면 항원 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα, 및/또는 비-침팬지 영장류 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 결합하는 것이 바람직하다. 특히 바람직하게는, 제2 결합 도메인은 인간 세포 표면 항원 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα, 및 비-침팬지 영장류 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα, 바람직하게는 짧은꼬리 원숭이 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 결합한다. 제2 결합 도메인은 1종 이상의 비-침팬지 영장류 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 결합하지만 2종, 3종 또는 그 이상의 비-침팬지 영장류 PSCA 상동체, 각각 CD19 상동체, c-MET 상동체, 엔도시알린 상동체, EpCAM 상동체, IGF-1R 상동체 또는 FAPα 상동체에도 결합할 수 있음을 인식해야 한다. 예를 들어, 제2 결합 도메인은 시아노몰구스 원숭이 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα, 및 붉은털 원숭이 PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 결합할 수 있다.

[0133] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 예를 들어, 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체의 제2 결합 도메인의 생성을 위해, 인간 및/또는 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원, 예컨대, PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα 둘다에 결합하는 단일클론 항체를 사용할 수 있다. 본원에 정의된 이중특이적 폴리펩티드에 적합한 결합 도메인은 예를 들어, 당분야에 기재된 재조합 방법에 의해 종간 특이적 단일클론 항체로부터 유도될 수 있다. 인간 세포 표면 항원 및 비-침팬지 영장류에서 상기 세포 표면 항원의 상동체에 결합하는 단일클론 항체는 전술된 FACS 분석에 의해 시험될 수 있다. 종간 특이적 항체가 문헌(Milstein and Kohler, Nature 256 (1975), 495-7)에 기재된 하이브리도마 기법에 의해 생성될 수도 있다는 것은 당업자에게 자명하다. 예를 들어, 마우스를 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원, 예컨대, PSCA, 각각 CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα으로 교대로 면역화시킬 수 있다. 하이브리도마 기술을 이용하여 상기 마우스로부터 종간 특이적 항체-생성 하이브리도마 세포를 단리하고 전술된 바와 같이 FACS로 분석한다. 이중특이적 폴리펩티드, 예컨대, 본원에 기재된 바와 같이 종간 특이성을 나타내는 이중특이적 단일쇄 항체의 생성 및 분석은 하기 실시예에 기재되어 있다. 종간 특이성을 나타내는 이중특이적 단일쇄 항체의 이점은 본원에 기재된 이점을 포함한다.

[0134] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체의 경우 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인이 하기 (a) 내지 (c)의 CDR-L로 구성된 군으로부터 선택된 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3을 포함하는 VL 영역을 포함하는 것이 특히 바람직하다:

[0135] (a) 서열번호 27에 기재된 CDR-L1, 서열번호 28에 기재된 CDR-L2 및 서열번호 29에 기재된 CDR-L3;

[0136] (b) 서열번호 117에 기재된 CDR-L1, 서열번호 118에 기재된 CDR-L2 및 서열번호 119에 기재된 CDR-L3; 및

[0137] (c) 서열번호 153에 기재된 CDR-L1, 서열번호 154에 기재된 CDR-L2 및 서열번호 155에 기재된 CDR-L3.

[0138] 가변 영역, 즉 가변 경쇄("L" 또는 "VL") 및 가변 중쇄("H" 또는 "VH")는 당분야에서 항체의 결합 도메인을 제공하는 것으로 이해된다. 이 가변 영역은 상보성 결정 영역을 보유한다.

[0139] 용어 "상보성 결정 영역"(CDR)은 항체의 항원 특이성을 표시하는 것으로 당분야에 잘 공지되어 있다. 용어 "CDR-L", "L-CDR" 또는 "LCDR"은 VL에 존재하는 CDR을 지칭하는 반면, 용어 "CDR-H", "HCDR" 또는 "HCDR"은 VH에 존재하는 CDR을 지칭한다.

[0140] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 대안적으로 바람직한 실시양태에서, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3

엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인은 하기 (a) 내지 (j)의 CDR-H로 구성된 군으로부터 선택된 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3을 포함하는 VH 영역을 포함한다:

[0141] (a) 서열번호 12에 기재된 CDR-H1, 서열번호 13에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 14에 기재된 CDR-H3;

[0142] (b) 서열번호 30에 기재된 CDR-H1, 서열번호 31에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 32에 기재된 CDR-H3;

[0143] (c) 서열번호 48에 기재된 CDR-H1, 서열번호 49에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 50에 기재된 CDR-H3;

[0144] (d) 서열번호 66에 기재된 CDR-H1, 서열번호 67에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 68에 기재된 CDR-H3;

[0145] (e) 서열번호 84에 기재된 CDR-H1, 서열번호 85에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 86에 기재된 CDR-H3;

[0146] (f) 서열번호 102에 기재된 CDR-H1, 서열번호 103에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 104에 기재된 CDR-H3;

[0147] (g) 서열번호 120에 기재된 CDR-H1, 서열번호 121에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 122에 기재된 CDR-H3;

[0148] (h) 서열번호 138에 기재된 CDR-H1, 서열번호 139에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 140에 기재된 CDR-H3;

[0149] (i) 서열번호 156에 기재된 CDR-H1, 서열번호 157에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 158에 기재된 CDR-H3; 및

[0150] (j) 서열번호 174에 기재된 CDR-H1, 서열번호 175에 기재된 CDR-H2 및 서열번호 176에 기재된 CDR-H3.

[0151] 또한, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인이 서열번호 35에 기재된 VL 영역, 서열번호 39에 기재된 VL 영역, 서열번호 125에 기재된 VL 영역, 서열번호 129에 기재된 VL 영역, 서열번호 161에 기재된 VL 영역 및 서열번호 165에 기재된 VL 영역으로 구성된 군으로부터 선택된 VL 영역을 포함하는 것이 바람직하다.

[0152] 대안적으로, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인이 서열번호 15에 기재된 VH 영역, 서열번호 19에 기재된 VH 영역, 서열번호 33에 기재된 VH 영역, 서열번호 37에 기재된 VH 영역, 서열번호 51에 기재된 VH 영역, 서열번호 55에 기재된 VH 영역, 서열번호 69에 기재된 VH 영역, 서열번호 73에 기재된 VH 영역, 서열번호 87에 기재된 VH 영역, 서열번호 91에 기재된 VH 영역, 서열번호 105에 기재된 VH 영역, 서열번호 109에 기재된 VH 영역, 서열번호 123에 기재된 VH 영역, 서열번호 127에 기재된 VH 영역, 서열번호 141에 기재된 VH 영역, 서열번호 145에 기재된 VH 영역, 서열번호 159에 기재된 VH 영역, 서열번호 163에 기재된 VH 영역, 서열번호 177에 기재된 VH 영역 및 서열번호 181에 기재된 VH 영역으로 구성된 군으로부터 선택된 VH 영역을 포함하는 것이 바람직하다.

[0153] 보다 바람직하게는, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있고 하기 (a) 내지 (j)의 VL 영역 및 VH 영역으로 구성된 군으로부터 선택된 VL 영역 및 VH 영역을 포함하는 제1 결합 도메인으로 특징으로 한다:

[0154] (a) 서열번호 17 또는 21에 기재된 VL 영역 및 서열번호 15 또는 19에 기재된 VH 영역;

[0155] (b) 서열번호 35 또는 39에 기재된 VL 영역 및 서열번호 33 또는 37에 기재된 VH 영역;

[0156] (c) 서열번호 53 또는 57에 기재된 VL 영역 및 서열번호 51 또는 55에 기재된 VH 영역;

[0157] (d) 서열번호 71 또는 75에 기재된 VL 영역 및 서열번호 69 또는 73에 기재된 VH 영역;

[0158] (e) 서열번호 89 또는 93에 기재된 VL 영역 및 서열번호 87 또는 91에 기재된 VH 영역;

[0159] (f) 서열번호 107 또는 111에 기재된 VL 영역 및 서열번호 105 또는 109에 기재된 VH 영역;

[0160] (g) 서열번호 125 또는 129에 기재된 VL 영역 및 서열번호 123 또는 127에 기재된 VH 영역;

[0161] (h) 서열번호 143 또는 147에 기재된 VL 영역 및 서열번호 141 또는 145에 기재된 VH 영역;

[0162] (i) 서열번호 161 또는 165에 기재된 VL 영역 및 서열번호 159 또는 163에 기재된 VH 영역; 및

[0163] (j) 서열번호 179 또는 183에 기재된 VL 영역 및 서열번호 177 또는 181에 기재된 VH 영역.

[0164] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 바람직한 실시양태에 따르면, CD3 엡실론에 결합하는 제1 결합 도메인에서 VH-영역 및 VL-영역의 쌍은 단일쇄 항체(scFv)의 형태이다. VH 영역 및 VL 영역은 VH-VL 또는 VL-VH의 순서로 정렬된다. VH 영역은 링커 서열에 대해 N-말단 쪽에 위치하는 것이 바람직하다. VL 영역은 링커 서열의 C-말단 쪽에 위치한다. 즉, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 CD3 결합 도메인에서 도메인 정렬은

바람직하게는 VH-VL이고, 이때 상기 CD3 결합 도메인은 제2 (세포 표면 항원, 예컨대, PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα) 결합 도메인에 대해 C-말단 쪽으로 위치한다. 바람직하게는, VH-VL은 서열번호 185를 포함하거나 서열번호 185이다. 본 발명의 상기 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 바람직한 실시양태는 서열번호 23, 25, 41, 43, 59, 61, 77, 79, 95, 97, 113, 115, 131, 133, 149, 151, 167, 169, 185 및 187로 구성된 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 결합할 수 있는 제1 결합 도메인을 특징으로 한다.

[0165] 또한, 본 발명은 제2 결합 도메인이 세포 표면 항원 PSCA, CD19, c-MET, 엔도시알린, EpCAM, IGF-1R 또는 FAPα에 결합하는 것인 상기 이중특이적 단일쇄 항체에 관한 것이다.

[0166] **PSCAxCD3**

[0167] 본 발명의 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 (a) 내지 (l)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 제2 결합 도메인 내에 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3으로서 포함한다:

[0168] (a) 서열번호 382 내지 384의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 377 내지 379의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0169] (b) 서열번호 400 내지 402의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 395 내지 397의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0170] (c) 서열번호 414 내지 416의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 409 내지 411의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0171] (d) 서열번호 432 내지 434의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 427 내지 429의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0172] (e) 서열번호 1215 내지 1217의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1220 내지 1222의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0173] (f) 서열번호 1187 내지 1189의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1192 내지 1194의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0174] (g) 서열번호 1173 내지 1175의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1178 내지 1180의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0175] (h) 서열번호 1229 내지 1231의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1234 내지 1236의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L33;

[0176] (i) 서열번호 1201 내지 1203의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1206 내지 1208의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0177] (k) 서열번호 1257 내지 1259의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1262 내지 1264의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3; 및

[0178] (l) 서열번호 1243 내지 1245의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1248 내지 1250의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3.

[0179] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 및 scFv의 제2 결합 도메인의 상응하는 VL 영역 및 VH 영역의 서열은 서열목록에 기재되어 있다.

[0180] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에서, 결합 도메인은 하기 실시예에 예시된 바와 같이 VL-VH-VH-VL, VL-VH-VL-VH, VH-VL-VH-VL 또는 VH-VL-VL-VH의 순서로 정렬된다. 바람직하게는, 결합 도메인은 VH PSCA-VL PSCA-VH CD3-VL CD3 또는 VL PSCA-VH PSCA-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다.

[0181] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체가 하기 (a) 내지 (c)의 아미노산 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 포함하는 것인 전술된 바와 같은 특징을 가진 폴리펩티드에 관한 것이다:

[0182] (a) 서열번호 389, 421, 439, 391, 405, 423, 441, 1226, 1198, 1184, 1240, 1212, 1268 및 1254 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열;

[0183] (b) 서열번호 390, 422, 440, 392, 406, 424, 442, 1227, 1199, 1185, 1241, 1213, 1269 및 1255 중 어느 하나에 기재된 핵산 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열; 및

[0184] (c) 상기 (a) 또는 (b)의 아미노산 서열과 90% 이상 동일한, 더 바람직하게는 95% 이상 동일한, 가장 바람직하게는 96% 이상 동일한 아미노산 서열.

[0185] 본 발명은 서열번호 389, 421, 439, 391, 405, 423, 441, 1226, 1198, 1184, 1240, 1212, 1268 및 1254 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 및 서열번호 389, 421, 439, 391, 405, 423, 441, 1226, 1198, 1184, 1240, 1212, 1268 또는 1254의 아미노산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 서열번호 390, 422, 440, 392, 406, 424, 442, 1227, 1199, 1185, 1241, 1213, 1269 및 1255 중 어느 하나에 기재된 상응하는 핵산 서열, 및 서열번호 390, 422, 440, 392, 406, 424, 442, 1227, 1199, 1185, 1241, 1213, 1269 또는 1255에 기재된 핵산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 핵산 서열에 관한 것이다. 서열 동일성은 전체 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열에 대해 측정되는 것으로 이해되어야 한다. 서열 정렬의 경우, 예를 들어, GCG 소프트웨어 팩키지(Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991))에 포함된 프로그램 갭(Gap) 또는 베스트피트(BestFit)를 이용할 수 있다(Needleman and Wunsch J. Mol. Biol. 48 (1970), 443-453; Smith and Waterman, Adv. Appl. Math 2 (1981), 482-489). 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 예를 들어, 85%(90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열을 결정하고 확인하는 것은 당업자에게 관용적인 방법이다. 예를 들어, 크릭의 와블(Crick's Wobble) 가설에 따르면, 안티-코돈 상의 5' 염기는 다른 2개의 염기만큼 공간적으로 제한되어 있지 않으므로 비-표준 염기 페어링을 가질 수 있다. 즉, 코돈 삼중체에서 제3 위치는 이 제3 위치에서 상이한 2개의 삼중체가 동일한 아미노산 잔기를 코딩할 수 있도록 변경될 수 있다. 상기 가설은 당업자에게 잘 공지되어 있다(예를 들어, 웹사이트(http://en.wikipedia.org/wiki/Wobble_Hypothesis); 및 문헌(Crick, J Mol Biol 19 (1966): 548-55) 참조).

[0186] 본 발명의 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 구축물에서 바람직한 도메인 정렬은 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0187] 본 발명의 바람직한 실시양태에서, 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론, 및 그의 제2 결합 도메인에 의해 인식되는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원 PSCA에 대한 종간 특이성을 나타낸다.

[0188] **CD19xCD3**

[0189] 본 발명의 대안적으로 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 (a) 내지 (ag)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 제2 결합 도메인 내에 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3으로서 포함한다:

[0190] (a) 서열번호 478 내지 480의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 473 내지 475의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0191] (b) 서열번호 530 내지 532의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 525 내지 527의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0192] (c) 서열번호 518 내지 520의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 513 내지 515의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0193] (d) 서열번호 506 내지 508의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 501 내지 503의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0194] (e) 서열번호 494 내지 496의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 489 내지 491의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0195] (f) 서열번호 542 내지 544의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 537 내지 539의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0196] (g) 서열번호 554 내지 556의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 549 내지 551의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0197] (h) 서열번호 566 내지 568의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 561 내지 563의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-

L3;

[0198] (i) 서열번호 578 내지 580의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 573 내지 575의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0199] (j) 서열번호 590 내지 592의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 585 내지 587의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0200] (k) 서열번호 602 내지 604의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 597 내지 599의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0201] (l) 서열번호 614 내지 616의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 609 내지 611의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0202] (m) 서열번호 626 내지 628의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 621 내지 623의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0203] (n) 서열번호 638 내지 640의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 633 내지 635의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0204] (o) 서열번호 650 내지 652의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 645 내지 647의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0205] (p) 서열번호 662 내지 664의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 657 내지 659의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0206] (q) 서열번호 674 내지 676의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 669 내지 671의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0207] (r) 서열번호 686 내지 688의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 681 내지 683의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0208] (s) 서열번호 698 내지 700의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 693 내지 695의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0209] (t) 서열번호 710 내지 712의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 705 내지 707의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0210] (u) 서열번호 722 내지 724의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 771 내지 719의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0211] (v) 서열번호 734 내지 736의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 729 내지 731의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0212] (w) 서열번호 746 내지 748의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 741 내지 743의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0213] (x) 서열번호 758 내지 760의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 753 내지 755의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0214] (y) 서열번호 1271 내지 1273의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1276 내지 1278의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0215] (z) 서열번호 1285 내지 1287의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1290 내지 1292의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0216] (aa) 서열번호 1299 내지 1301의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1304 내지 1306의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0217] (ab) 서열번호 1313 내지 1315의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1318 내지 1320의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0218] (ac) 서열번호 1327 내지 1329의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1332 내지 1334의 CDR-L1, CDR-L2 및

CDR-L3;

[0219] (ad) 서열번호 1341 내지 1343의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1346 내지 1348의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0220] (ae) 서열번호 1355 내지 1357의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1360 내지 1362의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0221] (af) 서열번호 1369 내지 1371의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1374 내지 1376의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3; 및

[0222] (ag) 서열번호 1383 내지 1385의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1388 내지 1390의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3.

[0223] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 및 scFv의 제2 결합 도메인의 상응하는 VL 영역 및 VH 영역의 서열은 서열목록에 기재되어 있다.

[0224] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에서, 결합 도메인은 하기 실시예에 예시된 바와 같이 VL-VH-VH-VL, VL-VH-VL-VH, VH-VL-VH-VL 또는 VH-VL-VL-VH의 순서로 정렬된다. 바람직하게는, 결합 도메인은 VH CD19-VL CD19-VH CD3-VL CD3 또는 VL CD19-VH CD19-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다. 더 바람직하게는, 결합 도메인은 VL CD19-VH CD19-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다.

[0225] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 하기 (a) 내지 (c)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 포함하는 것인 전술된 바와 같은 특징을 가진 폴리펩티드에 관한 것이다:

[0226] (a) 서열번호 481, 485, 483, 533, 521, 509, 497, 545, 557, 569, 581, 593, 605, 617, 629, 641, 653, 665, 677, 689, 701, 713, 725, 737, 749, 761, 1282, 1296, 1310, 1324, 1338, 1352, 1366, 1380 및 1394 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열;

[0227] (b) 서열번호 482, 486, 484, 534, 522, 510, 498, 546, 558, 570, 582, 594, 606, 618, 630, 642, 654, 666, 678, 690, 702, 714, 726, 738, 750, 762, 1283, 1297, 1311, 1325, 1339, 1353, 1367, 1381 및 1395 중 어느 하나에 기재된 핵산 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열; 및

[0228] (c) 상기 (a) 또는 (b)의 아미노산 서열과 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96% 이상 동일한 아미노산 서열.

[0229] 본 발명은 서열번호 481, 485, 483, 533, 521, 509, 497, 545, 557, 569, 581, 593, 605, 617, 629, 641, 653, 665, 677, 689, 701, 713, 725, 737, 749, 761, 1282, 1296, 1310, 1324, 1338, 1352, 1366, 1380 및 1394 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 및 서열번호 481, 485, 483, 533, 521, 509, 497, 545, 557, 569, 581, 593, 605, 617, 629, 641, 653, 665, 677, 689, 701, 713, 725, 737, 749, 761, 1282, 1296, 1310, 1324, 1338, 1352, 1366, 1380 또는 1394의 아미노산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 서열번호 482, 486, 484, 534, 522, 510, 498, 546, 558, 570, 582, 594, 606, 618, 630, 642, 654, 666, 678, 690, 702, 714, 726, 738, 750, 762, 1283, 1297, 1311, 1325, 1339, 1353, 1367, 1381 및 1395 중 어느 하나에 기재된 상응하는 핵산 서열, 및 서열번호 482, 486, 484, 534, 522, 510, 498, 546, 558, 570, 582, 594, 606, 618, 630, 642, 654, 666, 678, 690, 702, 714, 726, 738, 750, 762, 1283, 1297, 1311, 1325, 1339, 1353, 1367, 1381 또는 1395에 기재된 핵산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 핵산 서열에 관한 것이다. 서열 동일성은 전체 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열에 대해 측정되는 것으로 이해되어야 한다. 서열 정렬의 경우, 예를 들어, GCG 소프트웨어 팩키지(Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991))에 포함된 프로그램 갭 또는 베스트피트를 이용할 수 있다(Needleman and Wunsch J. Mol. Biol. 48 (1970), 443-453; Smith and Waterman, Adv. Appl. Math 2 (1981), 482-489). 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 예를 들어, 85%(90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열을 결정하고 확인하는 것은 당업자에게 관용적인 방법이다. 예를 들어, 크릭의 와블 가설에 따르면, 안티-코돈 상의 5' 염기는 다른 2개의 염기만큼 공간적으로 제한되어 있지 않으므로 비-표준 염기 페어링을 가질 수 있다. 즉, 코돈 삼중체에서 제3 위치는 이 제3 위치에서 상이한 2개의 삼중체가 동일한 아미노산 잔기를 코딩할

수 있도록 변경될 수 있다. 상기 가설은 당업자에게 잘 공지되어 있다(예를 들어, 웹사이트 (http://en.wikipedia.org/wiki/Wobble_Hypothesis); 및 문헌(Crick, J Mol Biol 19 (1966): 548-55) 참조).

[0230] 본 발명의 CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 구축물에서 바람직한 도메인 정렬은 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0231] 본 발명의 바람직한 실시양태에서, 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론, 및 그의 제2 결합 도메인에 의해 인식되는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원 CD19에 대한 종간 특이성을 나타낸다.

[0232] **c-METxCD3**

[0233] 본 발명의 대안적으로 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 (a) 내지 (x)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 제2 결합 도메인 내에 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3으로서 포함한다:

[0234] (a) 서열번호 821 내지 823의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 816 내지 818의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0235] (b) 서열번호 836 내지 838의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 833 내지 835의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0236] (c) 서열번호 845 내지 847의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 840 내지 842의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0237] (d) 서열번호 863 내지 865의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 858 내지 860의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0238] (e) 서열번호 881 내지 883의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 876 내지 878의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0239] (f) 서열번호 899 내지 901의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 894 내지 896의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0240] (g) 서열번호 1401 내지 1403의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1406 내지 1408의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0241] (h) 서열번호 1415 내지 1417의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1420 내지 1422의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0242] (i) 서열번호 1429 내지 1431의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1434 내지 1436의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0243] (j) 서열번호 1443 내지 1445의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1448 내지 1450의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0244] (k) 서열번호 1457 내지 1459의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1462 내지 1464의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0245] (l) 서열번호 1471 내지 1473의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1476 내지 1478의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0246] (m) 서열번호 1639 내지 1641의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1644 내지 1646의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0247] (n) 서열번호 1625 내지 1627의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1630 내지 1632의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0248] (o) 서열번호 1611 내지 1613의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1616 내지 1618의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0249] (p) 서열번호 1597 내지 1599의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1602 내지 1604의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0250] (q) 서열번호 1569 내지 1571의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1574 내지 1576의 CDR-L1, CDR-L2 및

CDR-L3;

[0251] (r) 서열번호 1555 내지 1557의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1560 내지 1562의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0252] (s) 서열번호 1583 내지 1585의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1588 내지 1590의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0253] (t) 서열번호 1541 내지 1543의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1546 내지 1548의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0254] (u) 서열번호 1513 내지 1515의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1518 내지 1520의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0255] (v) 서열번호 1527 내지 1529의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1532 내지 1534의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0256] (w) 서열번호 1499 내지 1501의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1504 내지 1506의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3; 및

[0257] (x) 서열번호 1485 내지 1487의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1490 내지 1492의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3.

[0258] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 및 scFv의 제2 결합 도메인의 상응하는 VL 영역 및 VH 영역의 서열은 서열목록에 기재되어 있다.

[0259] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에서, 결합 도메인은 하기 실시예에 예시된 바와 같이 VL-VH-VH-VL, VL-VH-VL-VH, VH-VL-VH-VL 또는 VH-VL-VL-VH의 순서로 정렬된다. 바람직하게는, 결합 도메인은 VH c-MET-VL c-MET-VH CD3-VL CD3 또는 VL c-MET-VH c-MET-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다.

[0260] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 하기 (a) 내지 (c)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 포함하는 것인 전술된 바와 같은 특징을 가진 폴리펩티드에 관한 것이다:

[0261] (a) 서열번호 829, 853, 871, 889, 831, 855, 873, 891, 905, 1412, 1426, 1440, 1454, 1468 및 1482 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열;

[0262] (b) 서열번호 830, 854, 872, 890, 832, 856, 874, 892, 906, 1413, 1427, 1441, 1455, 1469 및 1483 중 어느 하나에 기재된 핵산 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열; 및

[0263] (c) 상기 (a) 또는 (b)의 아미노산 서열과 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96% 이상 동일한 아미노산 서열.

[0264] 본 발명은 서열번호 829, 853, 871, 889, 831, 855, 873, 891, 905, 1412, 1426, 1440, 1454, 1468 및 1482 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 및 서열번호 829, 853, 871, 889, 831, 855, 873, 891, 905, 1412, 1426, 1440, 1454, 1468 또는 1482의 아미노산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 서열번호 830, 854, 872, 890, 832, 856, 874, 892, 906, 1413, 1427, 1441, 1455, 1469 및 1483 중 어느 하나에 기재된 상응하는 핵산 서열, 및 서열번호 830, 854, 872, 890, 832, 856, 874, 892, 906, 1413, 1427, 1441, 1455, 1469 또는 1483에 기재된 핵산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 핵산 서열에 관한 것이다. 서열 동일성은 전체 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열에 대해 측정되는 것으로 이해되어야 한다. 서열 정렬의 경우, 예를 들어, GCG 소프트웨어 팩키지(Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991))에 포함된 프로그램 갭 또는 베스트피트를 이용할 수 있다(Needleman and Wunsch J. Mol. Biol. 48 (1970), 443-453; Smith and Waterman, Adv. Appl. Math 2 (1981), 482-489). 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 예를 들어, 85%(90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열을 결정하고 확인하는 것은 당업자에게 관용적인 방법이다. 예를 들어, 크릭의 와블 가설에 따르면, 안티-코돈 상의 5' 염기는 다른 2개의 염기만큼 공간적으로 제한되어 있지 않으므로 비-표준 염기 페어링을 가질 수 있다. 즉, 코돈 삼중체에서 제3 위치는 이 제3 위치에서 상이한 2개의 삼중체가 동일한 아미노산 잔기를 코딩할 수 있도록

변경될 수 있다. 상기 가설은 당업자에게 잘 공지되어 있다(예를 들어, 웹사이트(http://en.wikipedia.org/wiki/Wobble_Hypothesis); 및 문헌(Crick, J Mol Biol 19 (1966): 548-55) 참조).

[0265] 본 발명의 c-METxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 구축물에서 바람직한 도메인 정렬은 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0266] 본 발명의 바람직한 실시양태에서, 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론, 및 그의 제2 결합 도메인에 의해 인식되는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원 c-MET에 대한 종간 특이성을 나타낸다.

[0267] **엔도시알린xCD3**

[0268] 본 발명의 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 서열번호 910 내지 912의 CDR-H1-3 및 서열번호 907 내지 909의 CDR-H1-3으로 구성된 군으로부터 선택된 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3을 제2 결합 도메인 내에 포함한다.

[0269] 당업자는 제2 결합 도메인에 대한 중쇄 및 경쇄의 상기 CDR 서열로부터 출발하여 어떠한 추가적 발명적 노력 없이 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 생성할 수 있다. 특히, CDR 서열은 VL 쇄 및 VH 쇄의 골격 내에 위치할 수 있고 scFv의 형태로 정렬된다.

[0270] 본 발명의 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 (a) 내지 (f)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 제2 결합 도메인 내에 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3으로서 포함한다:

[0271] (a) 서열번호 1653 내지 1655의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1658 내지 1660의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0272] (b) 서열번호 1667 내지 1669의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1672 내지 1674의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0273] (c) 서열번호 1681 내지 1683의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1686 내지 1688의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0274] (d) 서열번호 1695 내지 1697의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1700 내지 1702의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0275] (e) 서열번호 1709 내지 1711의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1714 내지 1716의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3; 및

[0276] (f) 서열번호 1723 내지 1725의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1728 내지 1730의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3.

[0277] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에서, 결합 도메인은 하기 실시예에 예시된 바와 같이 VL-VH-VH-VL, VL-VH-VL-VH, VH-VL-VH-VL 또는 VH-VL-VL-VH의 순서로 정렬된다. 바람직하게는, 결합 도메인은 VH 엔도시알린-VL 엔도시알린-VH CD3-VL CD3 또는 VL 엔도시알린-VH 엔도시알린-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다.

[0278] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 결합할 수 있는, 전술된 바와 같은 특징을 가진 제1 결합 도메인; 및 엔도시알린에 결합할 수 있고 서열번호 910 내지 912의 CDR-H1, 2 및 3 및 서열번호 907 내지 909의 CDR-H1, 2 및 3, 또는 상기 정의된 CDR의 아미노산 서열 각각과 50%, 60%, 70%, 75%, 80%, 85% 또는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 CDR 아미노산 서열을 포함하는 제2 결합 도메인을 포함한다. 서열 동일성은 CDR-H 또는 CDR-L 아미노산 서열 전체에 걸쳐 측정됨을 이해해야 한다.

[0279] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 하기 (a) 내지 (c)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 포함하는 전술한 바와 같은 특징을 갖는 폴리펩티드에 한 것이다:

[0280] (a) 서열번호 1664, 1678, 1692, 1706, 1720 및 1734 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열;

[0281] (b) 서열번호 1665, 1679, 1693, 1707, 1721 및 1735 중 어느 하나에 기재된 핵산 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열; 및

[0282] (c) 상기 (a) 또는 (b)의 아미노산 서열과 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96% 이상

동일한 아미노산 서열.

[0283] 본 발명은 서열번호 1664, 1678, 1692, 1706, 1720 및 1734 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 및 서열번호 1664, 1678, 1692, 1706, 1720 또는 1734의 아미노산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 서열번호 1665, 1679, 1693, 1707, 1721 및 1735 중 어느 하나에 기재된 상응하는 핵산 서열, 및 서열번호 1665, 1679, 1693, 1707, 1721 또는 1735에 기재된 핵산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 핵산 서열에 관한 것이다.

[0284] 달리 명시하지 않은 한, 서열 동일성은 전체 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열에 대해 측정되는 것으로 이해되어야 한다. 서열 정렬의 경우, 예를 들어, GCG 소프트웨어 팩키지(Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991))에 포함된 프로그램 갭 또는 베스트피트를 이용할 수 있다(Needleman and Wunsch J. Mol. Biol. 48 (1970), 443-453; Smith and Waterman, Adv. Appl. Math 2 (1981), 482-489). 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 예를 들어, 50%(60%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열을 결정하고 확인하는 것은 당업자에게 통상적인 방법이다. 예를 들어, 크릭의 와블 가설에 따르면, 안티-코돈 상의 5' 염기는 다른 2개의 염기만큼 공간적으로 제한되어 있지 않으므로 비-표준 염기 페어링을 가질 수 있다. 즉, 코돈 삼중체에서 제3 위치는 이 제3 위치에서 상이한 2개의 삼중체가 동일한 아미노산 잔기를 코딩할 수 있도록 변경될 수 있다. 상기 가설은 당업자에게 잘 공지되어 있다(예를 들어, 웹사이트(http://en.wikipedia.org/wiki/Wobble_Hypothesis); 및 문헌(Crick, J Mol Biol 19 (1966): 548-55) 참조).

[0285] 본 발명의 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 구축물에서 바람직한 도메인 정렬은 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0286] 본 발명의 바람직한 실시양태에서, 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론, 및 그의 제2 결합 도메인에 의해 인식되는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원 엔도시알린에 대한 종간 특이성을 나타낸다.

[0287] **EpCAMxCD3**

[0288] 본 발명의 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 (a) 내지 (p)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 제2 결합 도메인 내에 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3으로서 포함한다:

[0289] (a) 서열번호 940 내지 942의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 935 내지 937의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0290] (b) 서열번호 956 내지 958의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 951 내지 953의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0291] (c) 서열번호 968 내지 970의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 963 내지 965의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0292] (d) 서열번호 980 내지 982의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 975 내지 977의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0293] (e) 서열번호 992 내지 994의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 987 내지 989의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0294] (f) 서열번호 1004 내지 1006의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 999 내지 1001의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0295] (g) 서열번호 1028 내지 1030의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1023 내지 1025의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0296] (h) 서열번호 1040 내지 1042의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1035 내지 1037의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0297] (i) 서열번호 1052 내지 1054의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1047 내지 1049의 CDR-L1, CDR-L2 및

CDR-L3;

[0298] (j) 서열번호 1074 내지 1076의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1069 내지 1071의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0299] (k) 서열번호 1086 내지 1088의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1081 내지 1083의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0300] (l) 서열번호 1098 내지 1100의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1093 내지 1095의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0301] (m) 서열번호 1110 내지 1112의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1105 내지 1107의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0302] (n) 서열번호 1122 내지 1124의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1117 내지 1119의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0303] (o) 서열번호 1016 내지 1018의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1011 내지 1013의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3; 및

[0304] (p) 서열번호 1765 내지 1767의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1770 내지 1772의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3.

[0305] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 및 scFv의 제2 결합 도메인의 상응하는 VL 영역 및 VH 영역의 서열은 서열목록에 기재되어 있다.

[0306] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에서, 결합 도메인은 하기 실시예에 예시된 바와 같이 VL-VH-VH-VL, VL-VH-VL-VH, VH-VL-VH-VL 또는 VH-VL-VL-VH의 순서로 정렬된다. 바람직하게는, 결합 도메인은 VH EpCAM-VL EpCAM-VH CD3-VL CD3 또는 VL EpCAM-VH EpCAM-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다. 더 바람직하게는, 결합 도메인은 VL EpCAM-VH EpCAM-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다.

[0307] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 하기 (a) 내지 (c)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 포함하는 것인 전술된 바와 같은 특징을 가진 폴리펩티드에 관한 것이다:

[0308] (a) 서열번호 944, 948, 946, 960, 972, 984, 996, 1008, 1032, 1044, 1056, 1078, 1090, 1102, 1114, 1126, 1020 및 1776 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열;

[0309] (b) 서열번호 945, 949, 947, 961, 973, 985, 979, 1009, 1033, 1045, 1057, 1079, 1091, 1103, 1115, 1127, 1021 및 1777 중 어느 하나에 기재된 핵산 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열; 및

[0310] (c) 상기 (a) 또는 (b)의 아미노산 서열과 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96% 이상 동일한 아미노산 서열.

[0311] 본 발명은 서열번호 944, 948, 946, 960, 972, 984, 996, 1008, 1032, 1044, 1056, 1078, 1090, 1102, 1114, 1126, 1020 및 1776 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 및 서열번호 944, 948, 946, 960, 972, 984, 996, 1008, 1032, 1044, 1056, 1078, 1090, 1102, 1114, 1126, 1020 또는 1776의 아미노산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 서열번호 945, 949, 947, 961, 973, 985, 979, 1009, 1033, 1045, 1057, 1079, 1091, 1103, 1115, 1127, 1021 및 1777 중 어느 하나에 기재된 상응하는 핵산 서열, 및 서열번호 945, 949, 947, 961, 973, 985, 979, 1009, 1033, 1045, 1057, 1079, 1091, 1103, 1115, 1127, 1021 또는 1777에 기재된 핵산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 핵산 서열에 관한 것이다. 서열 동일성은 전체 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열에 대해 측정되는 것으로 이해되어야 한다. 서열 정렬의 경우, 예를 들어, GCG 소프트웨어 팩키지(Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991))에 포함된 프로그램 갭 또는 베스트피트를 이용할 수 있다(Needleman and Wunsch J. Mol. Biol. 48 (1970), 443-453; Smith and Waterman, Adv. Appl. Math 2 (1981), 482-489). 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 예를 들어, 85%(90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열을 결정하고 확인하는 것은 당업자에게 관용적인 방법이다. 예를 들어, 크릭의 와블 가설에 따르면, 안티-코돈 상의 5' 염기는 다른 2개의

염기만큼 공간적으로 제한되어 있지 않으므로 비-표준 염기 페어링을 가질 수 있다. 즉, 코돈 삼중체에서 제3 위치는 이 제3 위치에서 상이한 2개의 삼중체가 동일한 아미노산 잔기를 코딩할 수 있도록 변경될 수 있다. 상기 가설은 당업자에게 잘 공지되어 있다(예를 들어, 웹사이트 (http://en.wikipedia.org/wiki/Wobble_Hypothesis); 및 문헌(Crick, J Mol Biol 19 (1966): 548-55) 참조).

[0312] 본 발명의 EpCAMxCD33 이중특이적 단일쇄 항체 구축물에서 바람직한 도메인 정렬은 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0313] 본 발명의 바람직한 실시양태에서, 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론, 및 그의 제2 결합 도메인에 의해 인식되는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원 EpCAM에 대한 종간 특이성을 나타낸다.

[0314] FAPa xCD3

[0315] 본 발명의 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 서열번호 1137 내지 1139의 CDR-H1 내지 3 및 서열번호 1132 내지 1134의 CDR-H1 내지 3으로 구성된 군으로부터 선택된 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3을 제2 결합 도메인 내에 포함한다.

[0316] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 및 scFv의 제2 결합 도메인의 상응하는 VL 영역 및 VH 영역의 서열은 서열목록에 기재되어 있다.

[0317] 본 발명의 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 (a) 내지 (p)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 제2 결합 도메인 내에 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3으로서 포함한다:

[0318] (a) 서열번호 1137 내지 1139의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1132 내지 1134의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0319] (b) 서열번호 1849 내지 1851의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1854 내지 1856의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0320] (c) 서열번호 1835 내지 1837의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1840 내지 1842의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0321] vd) 서열번호 1779 내지 1781의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1784 내지 1786의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0322] (e) 서열번호 1793 내지 1795의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1798 내지 1800의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0323] *(f) 서열번호 1863 내지 1865의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1868 내지 1870의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0324] (g) 서열번호 1807 내지 1809의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1812 내지 1814의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0325] (h) 서열번호 1821 내지 1823의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1826 내지 1828의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0326] (i) 서열번호 1891 내지 1893의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1896 내지 1898의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0327] (j) 서열번호 1877 내지 1879의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1882 내지 1884의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0328] (k) 서열번호 1961 내지 1963의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1966 내지 1968의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0329] (l) 서열번호 1947 내지 1949의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1952 내지 1954의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0330] (m) 서열번호 1975 내지 1977의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1980 내지 1982의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0331] (n) 서열번호 1933 내지 1935의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1938 내지 1940의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0332] (o) 서열번호 1919 내지 1921의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1924 내지 1926의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3; 및

[0333] (p) 서열번호 1905 내지 1907의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 1910 내지 1912의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3.

[0334] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에서, 결합 도메인은 하기 실시예에 예시된 바와 같이 VL-VH-VH-VL, VL-VH-VL-VH, VH-VL-VH-VL 또는 VH-VL-VL-VH의 순서로 정렬된다. 바람직하게는, 결합 도메인은 VH FAPα-VL FAPα-VH CD3-VL CD3 또는 VL FAPα-VH FAPα-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다. 더 바람직하게는, 결합 도메인은 VL FAPα-VH FAPα CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다.

[0335] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 하기 (a) 내지 (c)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 포함하는 것인 전술된 바와 같은 특징을 가진 폴리펩티드에 관한 것이다:

[0336] (a) 서열번호 1143, 1147, 1145, 1860, 1846, 1790, 1804, 1874, 1818 및 1832 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열;

[0337] (b) 서열번호 1144, 1148, 1146, 1861, 1847, 1791, 1805, 1875, 1818 및 1833 중 어느 하나에 기재된 핵산 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열; 및

[0338] (c) 상기 (a) 또는 (b)의 아미노산 서열과 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96% 이상 동일한 아미노산 서열.

[0339] 본 발명은 서열번호 1143, 1147, 1145, 1860, 1846, 1790, 1804, 1874, 1818 및 1832 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 및 서열번호 1143, 1147, 1145, 1860, 1846, 1790, 1804, 1874, 1818, 또는 1832의 아미노산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 서열번호 1144, 1148, 1146, 1861, 1847, 1791, 1805, 1875, 1818 및 1833 중 어느 하나에 기재된 상응하는 핵산 서열, 및 서열번호 1144, 1148, 1146, 1861, 1847, 1791, 1805, 1875, 1818 또는 1833에 기재된 핵산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 핵산 서열에 관한 것이다. 서열 동일성은 전체 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열에 대해 측정되는 것으로 이해되어야 한다. 서열 정렬의 경우, 예를 들어, GCG 소프트웨어 팩키지(Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991))에 포함된 프로그램 갭 또는 베스트피트를 이용할 수 있다(Needleman and Wunsch J. Mol. Biol. 48 (1970), 443-453; Smith and Waterman, Adv. Appl. Math 2 (1981), 482-489). 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 예를 들어, 85%(90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열을 결정하고 확인하는 것은 당업자에게 관용적인 방법이다. 예를 들어, 크릭의 와블 가설에 따르면, 안티-코돈 상의 5' 염기는 다른 2개의 염기만큼 공간적으로 제한되어 있지 않으므로 비-표준 염기 페어링을 가질 수 있다. 즉, 코돈 삼중체에서 제3 위치는 이 제3 위치에서 상이한 2개의 삼중체가 동일한 아미노산 잔기를 코딩할 수 있도록 변경될 수 있다. 상기 가설은 당업자에게 잘 공지되어 있다(예를 들어, 웹사이트(http://en.wikipedia.org/wiki/Wobble_Hypothesis); 및 문헌(Crick, J Mol Biol 19 (1966): 548-55) 참조).

[0340] 본 발명의 FAPαxCD33 이중특이적 단일쇄 항체 구축물에서 바람직한 도메인 정렬은 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0341] 본 발명의 바람직한 실시양태에서, 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론, 및 그의 제2 결합 도메인에 의해 인식되는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원 FAPα에 대한 종간 특이성을 나타낸다.

[0342] **IGF-1RxCD3**

[0343] 본 발명의 바람직한 실시양태에 따르면, 전술된 바와 같은 특징을 가진 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 (a) 내지 (o)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 제2 결합 도메인 내에 CDR-H1, CDR-H2, CDR-H3, CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3으로서 포함한다:

[0344] (a) 서열번호 2016 내지 2018의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2021 내지 2023의 CDR-L1, CDR-L2 및

CDR-L3;

[0345] (b) 서열번호 2030 내지 2032의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2035 내지 2037의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0346] (c) 서열번호 2044 내지 2046의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2049 내지 2051의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0347] (d) 서열번호 2058 내지 2060의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2063 내지 2065의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0348] (e) 서열번호 2072 내지 2074의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2077 내지 2079의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0349] (f) 서열번호 2086 내지 2088의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2091 내지 2093의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0350] (g) 서열번호 2100 내지 2102의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2105 내지 2107의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0351] (h) 서열번호 2114 내지 2116의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2119 내지 2121의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0352] (i) 서열번호 2128 내지 2130의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2133 내지 2135의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0353] (j) 서열번호 2142 내지 2144의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2147 내지 2149의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0354] (k) 서열번호 2156 내지 2158의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2161 내지 2163의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0355] (l) 서열번호 2170 내지 2172의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2175 내지 2177의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0356] (m) 서열번호 2184 내지 2186의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2189 내지 2191의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3;

[0357] (n) 서열번호 2198 내지 2200의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2203 내지 2205의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3; 및

[0358] (o) 서열번호 2212 내지 2214의 CDR-H1, CDR-H2 및 CDR-H3, 및 서열번호 2217 내지 2219의 CDR-L1, CDR-L2 및 CDR-L3.

[0359] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 및 scFv의 제2 결합 도메인의 상응하는 VL 영역 및 VH 영역의 서열은 서열목록에 기재되어 있다.

[0360] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자에서, 결합 도메인은 하기 실시예에 예시된 바와 같이 VL-VH-VH-VL, VL-VH-VL-VH, VH-VL-VH-VL 또는 VH-VL-VL-VH의 순서로 정렬된다. 바람직하게는, 결합 도메인은 VH IGF-1R-VL IGF-1R-VH CD3-VL CD3 또는 VL IGF-1R-VH IGF-1R-VH CD3-VL CD3의 순서로 정렬된다.

[0361] 본 발명의 특히 바람직한 실시양태는 이중특이적 단일쇄 항체 분자가 하기 (a) 내지 (c)의 서열로 구성된 군으로부터 선택된 서열을 포함하는 것인 전술된 바와 같은 특징을 가진 폴리펩티드에 관한 것이다:

[0362] (a) 서열번호 2027, 2041, 2055, 2069, 2083, 2097, 2111, 2125, 2139, 2153, 2167, 2181, 2195, 2209 및 2223 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열;

[0363] (b) 서열번호 2028, 2042, 2056, 2070, 2084, 2098, 2112, 2126, 2140, 2154, 2168, 2182, 2196, 2210 및 2224 중 어느 하나에 기재된 핵산 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열; 및

[0364] (c) 상기 (a) 또는 (b)의 아미노산 서열과 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96% 이상 동일한 아미노산 서열.

[0365] 본 발명은 서열번호 2027, 2041, 2055, 2069, 2083, 2097, 2111, 2125, 2139, 2153, 2167, 2181, 2195, 2209 및 2223 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 및 서열번호 2027, 2041, 2055, 2069, 2083, 2097, 2111, 2125, 2139, 2153, 2167, 2181, 2195, 2209 또는 2223의 아미노산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 아미노산 서열을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자에 관한 것이다. 또한, 본 발명은 서열번호 2028, 2042, 2056, 2070, 2084, 2098, 2112, 2126, 2140, 2154, 2168, 2182, 2196, 2210 및 2224 중 어느 하나에 기재된 상응하는 핵산 서열, 및 서열번호 2028, 2042, 2056, 2070, 2084, 2098, 2112, 2126, 2140, 2154, 2168, 2182, 2196, 2210 또는 2224에 기재된 핵산 서열과 85% 이상, 바람직하게는 90% 이상, 더 바람직하게는 95% 이상, 가장 바람직하게는 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 동일한 핵산 서열에 관한 것이다. 서열 동일성은 전체 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열에 대해 측정되는 것으로 이해되어야 한다. 서열 정렬의 경우, 예를 들어, GCG 소프트웨어 팩키지(Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991))에 포함된 프로그램 갭 또는 베스트피트를 이용할 수 있다(Needleman and Wunsch J. Mol. Biol. 48 (1970), 443-453; Smith and Waterman, Adv. Appl. Math 2 (1981), 482-489). 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 예를 들어, 85%(90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%) 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열을 결정하고 확인하는 것은 당업자에게 관용적인 방법이다. 예를 들어, 크릭의 와블 가설에 따르면, 안티-코돈 상의 5' 염기는 다른 2개의 염기만큼 공간적으로 제한되어 있지 않으므로 비-표준 염기 페어링을 가질 수 있다. 즉, 코돈 삼중체에서 제3 위치는 이 제3 위치에서 상이한 2개의 삼중체가 동일한 아미노산 잔기를 코딩할 수 있도록 변경될 수 있다. 상기 가설은 당업자에게 잘 공지되어 있다(예를 들어, 웹사이트(http://en.wikipedia.org/wiki/Wobble_Hypothesis); 및 문헌(Crick, J Mol Biol 19 (1966): 548-55) 참조).

[0366] 본 발명의 IGF-1RxCD33 이중특이적 단일쇄 항체 구축물에서 바람직한 도메인 정렬은 하기 실시예에 기재되어 있다.

[0367] 본 발명의 바람직한 실시양태에서, 이중특이적 단일쇄 항체는 CD3 엡실론, 및 그의 제2 결합 도메인에 의해 인식되는 인간 및 비-침팬지 영장류 세포 표면 항원 IGF-1R에 대한 종간 특이성을 나타낸다.

[0368] 대안적 실시양태에서, 본 발명은 전술된 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체를 코딩하는 핵산 서열을 제공한다.

[0369] 또한, 본 발명은 본 발명의 핵산 분자를 포함하는 벡터에 관한 것이다.

[0370] 많은 적절한 벡터들이 분자생물학 분야의 당업자에게 공지되어 있고, 이 벡터의 선택은 원하는 기능에 달려 있고, 상기 벡터는 플라스미드, 코스미드, 바이러스, 박테리오파지, 및 유전공학 분야에서 보편적으로 사용되는 다른 벡터를 포함한다. 당업자에게 잘 공지된 방법을 이용하여 다양한 플라스미드 및 벡터를 구축할 수 있다(예를 들어, 상기 문헌(Sambrook et al.) 및 문헌(Ausubel, Current Protocols in Molecular Biology, Green Publishing Associates and Wiley Interscience, N.Y. (1989), (1994))에 기재된 기법 참조). 대안적으로, 본 발명의 폴리뉴클레오티드 및 벡터는 표적 세포로의 전달을 위해 리포좀으로 재구성될 수 있다. 아래에 더 상세히 논의되어 있는 바와 같이, 클로닝 벡터를 사용하여 개개의 DNA 서열을 단리하였다. 관련 서열들은 특정 폴리펩티드의 발현이 필요한 발현 벡터 내로 전달될 수 있다. 전형적인 클로닝 벡터는 pBluescript SK, pGEM, pUC9, pBR322 및 pGBT9를 포함한다. 전형적인 발현 벡터는 pTRE, pCAL-n-EK, pESP-1 및 pOP13CAT를 포함한다.

[0371] 바람직하게는, 상기 벡터는 본원에 정의된 핵산 서열에 작동가능하게 연결된 조절 서열인 핵산 서열을 포함한다.

[0372] 용어 "조절 서열"은 이 조절 서열이 라이게이션되는 코딩 서열의 발현을 수행하는 데 필요한 DNA 서열을 지칭한다. 이러한 조절 서열의 성질은 숙주 유기체에 따라 상이하다. 원핵세포에서, 조절 서열은 일반적으로 프로모터, 리보좀 결합 부위 및 종결서열(terminator)을 포함한다. 진핵세포에서, 조절 서열은 일반적으로 프로모터, 종결서열 및 몇몇 경우 인핸서(enhancer), 트랜스활성화제(transactivation) 또는 전사 인자를 포함한다. 용어 "조절 서열"은 최소한 발현에 필요한 모든 성분을 포함하고 추가 유리한 성분들을 포함할 수도 있다.

[0373] 용어 "작동가능하게 연결된"은 상기 성분들이 그들의 의도된 방식으로 기능할 수 있게 하는 관계로 존재하는 배치를 의미한다. 코딩 서열에 "작동가능하게 연결된" 조절 서열은 코딩 서열의 발현이 조절 서열에 적합한 조건하에 달성되는 방식으로 라이게이션되어 있다. 조절 서열이 프로모터인 경우, 바람직하게는 이중 가닥 핵산이 사용된다는 것은 당업자에게 자명하다.

[0374] 따라서, 상기 벡터는 바람직하게는 발현 벡터이다. "발현 벡터"는 선택된 숙주를 형질전환시키고 선택된 숙주

에서 코딩 서열의 발현을 제공하는 데 사용될 수 있는 구축물이다. 발현 벡터는 예를 들어, 클로닝 벡터, 이원 벡터 또는 통합 벡터일 수 있다. 발현은 바람직하게는 번역가능한 mRNA로의 핵산 분자의 전사를 포함한다. 원핵세포 및/또는 진핵세포에서 발현을 보장하는 조절 요소는 당업자에게 잘 공지되어 있다. 진핵세포의 경우, 진핵세포는 통상적으로 전사의 개시를 보장하는 프로모터, 및 경우에 따라 전사의 종결 및 전사체의 안정화를 보장하는 폴리-A 신호를 포함한다. 원핵 숙주 세포에서 발현을 허용하는 가능한 조절 요소는 예를 들어, 에스케리키아 콜라이(*Escherichia coli*)의 경우 PL, lac, trp 또는 tac 프로모터를 포함하고, 진핵 숙주 세포에서 발현을 허용하는 조절 요소의 예는 효모의 경우 AOX1 또는 GAL1 프로모터이고, 포유동물 및 다른 동물 세포의 경우 CMV-프로모터, SV40-프로모터, RSV-프로모터(라우스 육종 바이러스), CMV-인핸서, SV40-인핸서 또는 글로빈 인트론이다.

[0375] 전사의 개시를 책임지는 요소들 이외에, 이러한 조절 요소는 폴리뉴클레오티드의 다운스트림에 전사 종결 신호, 예컨대, SV40-폴리-A 부위 또는 tk-폴리-A 부위를 추가로 포함할 수 있다. 더욱이, 사용된 발현 시스템에 따라, 폴리펩티드를 세포 구획으로 향하게 할 수 있거나 폴리펩티드를 배지로 분비시킬 수 있는 리더 서열이 언급된 핵산 서열의 코딩 서열에 부가될 수 있고 당분야에 잘 공지되어 있다(하기 실시예도 참조). 리더 서열은 번역, 개시 및 종결 서열, 및 바람직하게는 번역된 단백질 또는 이의 일부를 원형질막주위 공간 또는 세포외 배지 내로 분비시킬 수 있는 리더 서열에 적합한 상(phase)으로 조립된다. 경우에 따라, 이종 서열은 원하는 특성, 예를 들어, 발현된 재조합 생성물의 안정화 또는 단순화된 정제를 부여하는 N-말단 식별 펩티드를 포함하는 융합 단백질을 코딩할 수 있다(상기 참조). 이 내용에서, 적절한 발현 벡터, 예컨대, 오카야마-베르그(Okayama-Berg) cDNA 발현 벡터 pcDV1(파마샤(Pharmacia)), pCDM8, pRc/CMV, pcDNA1, pcDNA3(인-비트로겐(In-vitrogene)), pEF-DHFR, pEF-ADA 또는 pEF-neo(Mack et al. PNAS (1995) 92, 7021-7025 and Raum et al. Cancer Immunol Immunother (2001) 50(3), 141-150) 또는 pSPORT1(깁코 비알엘(GIBCO BRL))이 당분야에 공지되어 있다.

[0376] 바람직하게는, 발현 조절 서열은 진핵 숙주 세포를 형질전환시킬 수 있는 벡터에서 진핵 프로모터 시스템일 것이지만, 원핵 숙주의 조절 서열도 사용될 수 있다. 일단 벡터가 적절한 숙주 내로 도입되면, 상기 숙주를 뉴클레오티드 서열의 고도 발현에 적합한 조건 하에 유지시키고, 원하는 경우, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 회수하여 정제할 수 있다(예를 들어, 하기 실시예 참조).

[0377] 세포 주기 상호작용 단백질을 발현시키는 데 사용될 수 있는 대체 발현 시스템은 곤충 시스템이다. 이러한 곤충 시스템에서, 오토그라파 칼리포르니카(*Autographa californica*) 핵 다면체형성 바이러스(AcNPV)는 스포도프테라 프루기페르다(*Spodoptera frugiperda*) 세포 또는 트라이코플루시아(*Trichoplusia*) 유충에서 외래 유전자를 발현시키기 위한 벡터로서 사용된다. 언급된 핵산 분자의 코딩 서열은 바이러스의 비필수 영역, 예컨대, 폴리헤드린(polyhedrin)) 유전자 내로 클로닝되어 폴리헤드린 프로모터의 조절 하에 배치될 수 있다. 상기 코딩 서열의 성공적인 삽입은 폴리헤드린 유전자를 불활성 상태로 만들 것이고 코트 단백질 코트를 결여한 재조합 바이러스를 생성할 것이다. 그 다음, 재조합 바이러스를 사용하여 본 발명의 단백질이 발현될 스포도프테라 프루기페르다 세포 또는 트리코플루시아 유충을 감염시킨다(Smith, J. Virol. 46 (1983), 584; Engelhard, Proc. Nat. Acad. Sci. USA 91 (1994), 3224-3227).

[0378] 추가 조절 요소는 전사 인핸서 및 번역 인핸서를 포함할 수 있다. 유리하게는, 본 발명의 상기 벡터는 선별 및/또는 스코어링(scorable) 마커를 포함한다.

[0379] 형질전환된 세포 및, 예를 들어, 식물 조직 및 식물의 선별에 유용한 선별 마커 유전자는 당업자에게 잘 공지되어 있고, 예를 들어, 메토트렉세이트에 대한 내성을 부여하는 dhfr(Reiss, Plant Physiol. (Life Sci. Adv.) 13 (1994), 143-149); 아미노글리코시드 네오마이신, 가나마이신 및 파로마이신에 대한 내성을 부여하는 npt(Herrera-Estrella, EMBO J. 2 (1983), 987-995) 및 하이그로마이신에 대한 내성을 부여하는 hygro(Marsh, Gene 32 (1984), 481-485)에 대한 선별 기준으로서, 예를 들어, 항대사물질 내성을 포함한다. 추가 선별 유전자, 즉 세포가 트립토판 대신에 인돌을 사용할 수 있게 하는 trpB; 세포가 히스티딘 대신에 히스티놀을 사용할 수 있게 하는 hisD(Hartman, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 (1988), 8047); 세포가 만노스를 사용할 수 있게 하는 만노스-6-포스페이트 이소머레이즈(국제특허출원 공개 제WO 94/20627호); 오르니틴 데카르복실레이즈 억제제에 대한 내성을 부여하는 ODC(오르니틴 데카르복실레이즈); 2-(다이프루오로메틸)-DL-오르니틴; DFMO(McConlogue, 1987, In: Current Communications in Molecular Biology, Cold Spring Harbor Laboratory ed.); 또는 블라스티시딘 S에 대한 내성을 부여하는 아스퍼길러스 테레우스(*Aspergillus terreus*)로부터 유래된 데아미네이즈(Tamura, Biosci. Biotechnol. Biochem. 59 (1995), 2336-2338)가 공지되어 있다.

[0380] 유용한 스코어링 마커도 당업자에게 공지되어 있고 상업적으로 입수가능하다. 유리하게는, 상기 마커는 루시퍼레이즈(Giacomin, Pl. Sci. 116 (1996), 59-72; Scikantha, J. Bact. 178 (1996), 121), 녹색 형광 단백질(Gerdes, FEBS Lett. 389 (1996), 44-47) 또는 β-글루쿠로니데이즈(Jefferson, EMBO J. 6 (1987), 3901-3907)를 코딩하는 유전자이다. 이 실시양태는 언급된 벡터를 함유하는 세포, 조직 및 유기체의 간편하고 빠른 스크리닝에 특히 유용하다.

[0381] 전술된 바와 같이, 언급된 핵산 분자를 단독으로 또는 벡터의 일부로서 사용하여 예를 들어, 정제 및 유전자 요법을 위해 사용될 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 세포에서 발현시킬 수 있다. 본 발명의 상기 이중특이적 단일쇄 항체 분자 중 어느 하나를 코딩하는 DNA 서열을 함유하는 핵산 분자 또는 벡터를 세포에 도입하면 상기 세포가 원하는 폴리펩티드를 생성한다. 생체외 또는 생체내 기법에 의한 세포 내로의 치료 유전자의 도입을 기초로 한 유전자 요법은 유전자 전달의 가장 중요한 응용 중 하나이다. 시험관내 또는 생체내 유전자 요법에 적합한 벡터, 방법 또는 유전자-전달 시스템은 문헌에 기재되어 있고 당업자에게 공지되어 있다(예를 들어, 문헌(Giordano, Nature Medicine 2 (1996), 534-539; Schaper, Circ. Res. 79 (1996), 911-919; Anderson, Science 256 (1992), 808-813; Verma, Nature 389 (1994), 239; Isner, Lancet 348 (1996), 370-374; Muhlhauser, Circ. Res. 77 (1995), 1077-1086; Onodera, Blood 91 (1998), 30-36; Verma, Gene Ther. 5 (1998), 692-699; Nabel, Ann. N.Y. Acad. Sci. 811 (1997), 289-292; Verzeletti, Hum. Gene Ther. 9 (1998), 2243-51; Wang, Nature Medicine 2 (1996), 714-716); 국제특허출원 공개 제WO 94/29469호 및 제WO 97/00957호, 미국 특허 제5,580,859호 및 제5,589,466호; 또는 문헌(Schaper, Current Opinion in Biotechnology 7 (1996), 635-640; dos Santos Coura and Nardi Virol J. (2007), 4:99) 참조). 인용된 핵산 분자 및 벡터는 세포 내로의 직접적인 도입을 위해 디자인될 수 있거나 리포좀 또는 바이러스 벡터(예를 들어, 아데노바이러스, 레트로바이러스)를 통한 세포 내로의 도입을 위해 디자인될 수 있다. 바람직하게는, 상기 세포는 생식세포주, 배아 세포, 난자 세포 또는 이들로부터 유래된 세포이고, 가장 바람직하게는 상기 세포는 줄기 세포이다. 배아 줄기 세포의 일례는 특히, 문헌(Nagy, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90 (1993), 8424-8428)에 기재된 줄기 세포이다.

[0382] 본 발명은 본 발명의 벡터로 형질전환되거나 형질감염된 숙주도 제공한다. 상기 숙주는 전술된 본 발명의 벡터 또는 전술된 본 발명의 핵산 분자를 숙주 내로 도입함으로써 제조할 수 있다. 숙주 내에서 1종 이상의 벡터 또는 1종 이상의 핵산 분자의 존재는 전술된 단일쇄 항체 구축물을 코딩하는 유전자의 발현을 매개할 수 있다.

[0383] 숙주 내로 도입되는 상기 본 발명의 핵산 분자 또는 벡터는 숙주의 게놈 내로 삽입될 수 있거나 염색체 외부에 존재하는 형태로 유지될 수 있다.

[0384] 숙주는 임의의 원핵 세포 또는 진핵 세포일 수 있다.

[0385] 용어 "원핵"은 본 발명의 단백질의 발현을 위해 DNA 또는 RNA 분자로 형질전환될 수 있거나 형질감염될 수 있는 모든 박테리아를 포함한다. 원핵 숙주는 그람 음성 박테리아 및 그람 양성 박테리아, 예컨대, 에스케리키아 콜라이, 살모넬라 티피무리움(*Salmonella typhimurium*), 세라티아 마르세센스(*Serratia marcescens*) 및 바실러스 서브틸리스(*Bacillus subtilis*)를 포함할 수 있다. 용어 "진핵"은 효모, 고등 식물, 곤충 및 바람직하게는 포유동물 세포를 포함한다. 재조합 제조 과정에서 사용되는 숙주에 따라, 본 발명의 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는 단백질은 글리코실화될 수 있거나 비-글리코실화될 수 있다. 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 코딩 서열을 함유하고 N-말단 플래그 태그 및/또는 C-말단 His-태그에 유전적으로 융합된 플라스미드 또는 바이러스의 사용이 특히 바람직하다. 바람직하게는, 상기 플래그 태그의 길이는 약 4 내지 8개 아미노산, 가장 바람직하게는 8개 아미노산이다. 전술된 폴리뉴클레오티드는 당업자에게 통상적으로 공지된 기법들 중 임의의 기법을 이용하여 숙주를 형질전환시키거나 형질감염시키는 데 사용될 수 있다. 뿐만 아니라, 융합되고 작동가능하게 연결된 유전자의 제조하고 이들을 예를 들어, 포유동물 세포 및 박테리아에서 발현시키는 방법은 당분야에 잘 공지되어 있다(상기 문헌(Sambrook) 참조).

[0386] 바람직하게는, 상기 숙주는 박테리아 또는 곤충, 진균, 식물 또는 동물 세포이다. 언급된 세포가 포유동물 세포일 수 있다는 것이 특히 예측된다. 특히 바람직한 숙주 세포는 CHO 세포, COS 세포, 골수종 세포주, 예컨대, SP2/0 또는 NS/0를 포함한다. 하기 실시예에서 예시된 바와 같이, 숙주로서 CHO 세포가 특히 바람직하다.

[0387] 보다 바람직하게는, 상기 숙주 세포는 인간 세포 또는 인간 세포주, 예를 들어, per.c6(Kroos, Biotechnol. Prog., 2003, 19:163-168)이다.

[0388] 따라서, 추가 실시양태에서, 본 발명은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 발현을 허용하는 조건 하에

본 발명의 숙주를 배양하는 단계 및 제조된 폴리펩티드를 배양물로부터 회수하는 단계를 포함하는, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 제조 방법에 관한 것이다.

[0389] 형질전환된 숙주는 발효기에서 생장될 수 있고 당분야에 공지된 기법에 따라 최적 세포 생장을 달성할 때까지 배양될 수 있다. 그 후, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 생장 배지, 세포 용해물, 세포막 분획으로부터 단리될 수 있다. 예를 들어, 미생물로부터 발현되는 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 단리 및 정제는 임의의 보편적인 수단, 예를 들어, 분취 크로마토그래피 분리 및 면역학적 분리, 예컨대, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 태그에 대해 유도된 단일클론 또는 다중클론 항체 또는 하기 실시예에 기재된 단일클론 또는 다중클론 항체의 사용을 수반하는 면역학적 분리에 의해 달성될 수 있다.

[0390] 당분야에 공지되어 있는, 발현을 허용하는 숙주의 배양 조건은 이러한 방법에서 사용되는 숙주 시스템 및 발현 시스템/벡터에 달려 있다. 재조합 폴리펩티드의 발현을 허용하는 조건을 달성하기 위해 변경될 파라미터는 당분야에 공지되어 있다. 따라서, 적절한 조건은 추가적인 발명적 노력 없이도 당업자에 의해 결정될 수 있다.

[0391] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 일단 발현되면 황산암모늄 침전, 친화성 컬럼, 컬럼 크로마토그래피, 겔 전기영동 등을 포함하는 당분야의 표준 방법에 따라 정제될 수 있다(예를 들어, 문헌(Scopes, "Protein Purification", Springer-Verlag, N.Y. (1982)) 참조). 약학적으로 사용되기 위해서는, 균질도(homogeneity)가 약 90 내지 95% 이상인 실질적으로 순수한 폴리펩티드가 바람직하고, 98 내지 99% 이상의 균질도가 가장 바람직하다. 그 후, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 일단 원하는 균질도까지 또는 부분적으로 정제되면 치료적으로(체외순환을 포함함) 사용될 수 있거나 분석 방법을 개발하고 수행하는 데 사용될 수 있다. 나아가, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 배양물로부터 회수하는 방법의 예는 하기 실시예에 상세히 기재되어 있다. 회수는 하기 단계 (a) 내지 (c)를 포함하는, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론(CD3ε)의 에피토프에 결합할 수 있는 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 단리 방법에 의해 달성될 수도 있다:

[0392] (a) C-말단을 통해 고체상에 고착된 아미노산 서열 Gln-Asp-Gly-Asn-Glu-Glu-Met-Gly(서열번호 341) 또는 Gln-Asp-Gly-Asn-Glu-Glu-Ile-Gly(서열번호 342)를 포함하는 최대 27개 아미노산으로 구성된 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 N-말단 단편과 상기 폴리펩티드를 접촉시키는 단계;

[0393] (b) 결합된 폴리펩티드를 상기 단편으로부터 회수하는 단계; 및

[0394] (c) 상기 폴리펩티드를 단계 (b)의 회수물로부터 단리하는 단계.

[0395] 상기 본 발명의 방법에 의해 단리되는 폴리펩티드는 바람직하게는 인간 폴리펩티드이다.

[0396] 상기 방법 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 단리는 N-말단에서 아미노산 서열 Gln-Asp-Gly-Asn-Glu-Glu-Met-Gly(서열번호 341) 또는 Gln-Asp-Gly-Asn-Glu-Glu-Ile-Gly(서열번호 342)를 포함하는 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 단편에 대해 동일한 특이성을 나타내는 1종 이상의 상이한 폴리펩티드를 복수의 폴리펩티드 후보 물질로부터 단리하는 방법뿐만 아니라 용액으로부터 폴리펩티드를 정제하는 방법으로서 이해된다. 용액으로부터 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 정제하는 후자 방법의 비-제한적 예는 예를 들어, 재조합적으로 발현된 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 배양물 상청액 또는 이러한 배양물의 제제로부터 정제하는 것이다.

[0397] 전술된 바와 같이 이 방법에서 사용된 단편은 영장류 CD3 엡실론 분자의 세포외 도메인의 N-말단 단편이다. 상이한 종으로부터 유래된 CD3 엡실론 분자의 세포외 도메인의 아미노산 서열은 서열번호 1, 3, 5 및 7에 기재되어 있다. N-말단 팔량체의 두 형태가 서열번호 341 및 342에 기재되어 있다. 이 N-말단은 바람직하게는 본 발명의 방법에 의해 확인될 폴리펩티드의 결합에 대해 자유롭게 이용가능하다. 용어 "자유롭게 이용가능한"은 본 발명의 내용에서 추가 모티프, 예컨대, His-태그의 부재로서 이해된다. 본 발명의 방법에 의해 확인된 결합 분자를 사용한 상기 His-태그의 간섭은 하기 실시예 6 및 20에 기재되어 있다.

[0398] 이 방법에 따르면, 상기 단편은 그의 C-말단을 통해 고체상에 고착된다. 당업자는 임의의 발명적 노력 없이도 본 발명의 방법의 사용된 실시양태에 따라 적절한 고체상 지지체를 용이하게 선택할 것이다. 고체상 지지체의 예는 매트릭스, 예컨대, 비드(예를 들어, 아가로스 비드, 세파로스 비드, 폴리스티롤 비드, 덱스트란 비드), 플레이트(배양 플레이트 또는 멀티웰 플레이트), 및 예를 들어, 비아코어(등록상표)로부터 공지된 칩을 포함하나 이들로 한정되지 않는다. 단편을 상기 고체상 지지체에 고착/고정시키는 수단 및 방법의 선택은 고체상 지지체의 선택에 달려 있다. 통상적으로 이용되는 고착/고정 방법은 N-하이드록시석신이미드(NHS) 에스터를 통한 커플링이다. 이 커플링의 기초가 되는 화학적 수단 및 대체가능한 고착/고정 방법은 예를 들어, 문헌(Hermanson "Bioconjugate Techniques", Academic Press, Inc. (1996))으로부터 당업자에게 공지되어 있다. 크로마토그래

피 지지체 상에의 고착/고정을 위해, 하기 수단이 통상적으로 이용된다: NHS-활성화된 세파로스(예를 들어, 지이 라이프 사이언스-아머샴(GE Life Science-Amersham)의 하이트랩(HiTrap)-NHS), CnBr-활성화된 세파로스(예를 들어, 지이 라이프 사이언스-아머샴), NHS-활성화된 덱스트란 비드(시그마) 또는 활성화된 폴리메타크릴레이트. 이 시약들은 배치 방법에서도 사용될 수 있다. 뿐만 아니라, 산화철을 포함하는 덱스트란 비드(예를 들어, 밀테니이(Miltenyi)로부터 입수가능함)를 배치 방법에 사용할 수 있다. 이 비드는 비드를 용액으로부터 분리시키는 자기와 함께 사용될 수 있다. 폴리펩티드는 NHS-활성화된 카복시메틸덱스트란의 사용을 통해 비아코어 칩(예컨대, CM5 칩)에 고정될 수 있다. 적절한 고체상 지지체의 추가 예는 아민 반응성 멀티웰 플레이트(예를 들어, 넌크 이모빌라이저(Nunc Immobilizer)(상표명) 플레이트)이다.

[0399] 이 방법에 따르면, CD3 엡실론의 세포외 도메인의 상기 단편은 고체상 지지체에 직접 커플링될 수 있거나 아미노산 스트레치(링커 또는 또 다른 단백질/폴리펩티드 잔기일 수 있음)를 통해 커플링될 수 있다. 대안적으로, CD3 엡실론의 세포외 도메인은 1종 이상의 어댑터 분자를 통해 간접적으로 커플링될 수 있다.

[0400] 고정된 에피토프에 결합된 펩티드 또는 폴리펩티드를 용출하는 수단 및 방법은 당분야에 잘 공지되어 있다. 전술된 바가 확인된 폴리펩티드를 용출물로부터 단리하는 방법에 동일하게 적용된다. N-말단에 아미노산 서열 Gln-Asp-Gly-Asn-Glu-Glu-X-Gly(X가 Met 또는 Ile임)을 포함하는 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 단편에 대해 동일한 특이성을 나타내는 1종 이상의 상이한 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 복수의 폴리펩티드 후보물질로부터 단리하는 방법은 하기 항원-특이적 물질의 선별 방법의 1개 이상의 단계를 포함할 수 있다.

[0401] CD3 엡실론 특이적 결합 도메인은 항체 유래 레파토리로부터 선택될 수 있다. 파지 디스플레이 라이브러리는 예를 들어, 문헌("Phage Display: A Laboratory Manual"; Ed. Barbas, Burton, Scott & Silverman; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001)에 개시된 방법과 같은 표준 방법을 기초로 하여 구축할 수 있다. 항체 라이브러리에서 항체 단편의 포맷은 scFv일 수 있지만 일반적으로 Fab 단편일 수도 있고 심지어 단일 도메인 항체 단편일 수도 있다. 항체 단편의 단리를 위해 천연 항체 단편 라이브러리를 사용할 수 있다. 추후 치료에 사용하기 위해 잠재적으로 낮은 면역원성을 나타내는 결합 물질을 선별하기 위해, 인간 항체 단편 라이브러리가 인간 항체 단편의 직접적인 선별에 유리할 수 있다. 일부 경우, 인간 항체 단편 라이브러리는 합성 항체 라이브러리에 대한 기초를 형성할 수 있다(Knappik et al. J Mol. Biol. 2000, 296:57 ff). 상응하는 포맷은 Fab, scFv(후술되어 있음) 또는 도메인 항체(dAb, 문헌(Holt et al., Trends Biotechnol. 2003, 21:484 ff))에 논의되어 있음)일 수 있다.

[0402] 많은 경우 표적 항원에 대해 이용가능한 면역 인간 항체 공급원이 없다는 것도 당분야에 공지되어 있다. 따라서, 동물을 표적 항원, 및 동물 조직, 예컨대, 비장 또는 PBMC로부터 단리된 항체 라이브러리 각각으로 면역화시킨다. N-말단 단편은 단백질, 예컨대, KLH 또는 소혈청 알부민(BSA)에 바이오티닐화될 수 있거나 공유결합될 수 있다. 통상의 방법에 따르면, 설치류가 면역화에 사용된다. 비-인간 유래의 일부 면역 항체 레파토리는 다른 이유, 예를 들어, 낙타 종으로부터 유래된 단일 도메인 항체(VHH)의 존재로 특히 유리할 수 있다(문헌(Muyldermans, J Biotechnol. 74:277; De Genst et al. Dev Como Immunol. 2006, 30:187 ff)에 기재되어 있음). 따라서, 항체 라이브러리의 상응하는 포맷은 Fab, scFv(후술되어 있음) 또는 단일 도메인 항체(VHH)이다.

[0403] 한 가능한 방법에서, balb/c x C57블랙 교배로부터 수득된 10주령 F1 마우스를 전체 세포, 예를 들어, 번역 융합체로서 성숙 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산을 N-말단에 포함하는 경막 EpCAM을 발현하는 전체 세포로 면역화시킬 수 있다. 별법으로, 마우스를 1 내지 27 CD3 엡실론-Fc 융합 단백질로 면역화시킬 수 있다(상응하는 방법이 하기 실시예 2에 기재되어 있음). 부스터(booster) 면역화 후, 혈액 샘플을 채취하고, CD3 양성 T 세포에 대한 항체 혈청 역가를 예를 들어, FACS 분석에서 시험할 수 있다. 통상적으로, 혈청 역가는 비-면역화된 동물보다 면역화된 동물에서 훨씬 더 높다.

[0404] 면역화된 동물은 면역 항체 라이브러리의 구축을 위한 기초를 형성할 수 있다. 이러한 라이브러리의 예는 파지 디스플레이 라이브러리를 포함한다. 이러한 라이브러리는 일반적으로 표준 방법, 예컨대, 문헌("Phage Display: A Laboratory Manual"; Ed. Barbas, Burton, Scott & Silverman; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001)에 개시된 방법을 기초로 하여 구축할 수 있다.

[0405] 비-인간 항체는 선별 과정 동안 결합제에 대해 추후에 풍부해질 수 있는 가변성이 보다 높은 항체 라이브러리의 발생으로 인해 파지 디스플레이를 통해 인간화될 수도 있다.

[0406] 파지 디스플레이 방법에서, 항체 라이브러리를 디스플레이하는 파지 풀(pool) 중 어느 하나가 표적 분자로서 항

원 각각을 사용하는 결합 결합 물질을 선택하기 위한 기초를 형성한다. 항원 특이적 항원 결합 파지가 단리되는 핵심 단계는 팬닝(panning)으로 명명된다. 파지의 표면 상에 항체 단편이 디스플레이되기 때문에, 이 일반적인 방법은 파지 디스플레이로 지칭된다. 바람직한 선별 방법 중 하나는 파지에 의해 디스플레이되는 scFv의 N-말단에 번역적으로 융합되는 소단백질, 예컨대, 섬유상 파지 N2 도메인의 사용이다. 결합 물질을 단리하는데 사용될 수 있는, 당분야에 공지되어 있는 또 다른 디스플레이 방법은 리보좀 디스플레이 방법(문헌(Groves & Osbourn, Expert Opin Biol Ther. 2005, 5:125 ff; Lipovsek & Pluckthun, J Immunol Methods 2004, 290:52 ff)에 논의되어 있음)이다. scFv 파지 입자와 1 내지 27 CD3 엡실론-Fc 융합 단백질의 결합을 입증하기 위해, 클로닝된 scFv-레파토리를 보유하는 파지 라이브러리를 PEG(폴리에틸렌 글리콜)를 사용하여 배양물 상청액 각각으로부터 회수할 수 있다. scFv 파지 입자는 고정된 CD3 엡실론 Fc 융합 단백질과 함께 항온처리될 수 있다. 고정된 CD3 엡실론 Fc 융합 단백질은 고체상에 코팅될 수 있다. 결합 물질은 용출될 수 있고, 용출물은 신선한 비감염된 박테리아 숙주의 감염에 사용될 수 있다. 인간 scFv-단편을 코딩하는 파지미드 카피로 성공적으로 형질도입된 박테리아 숙주는 카베니실린(carbenicillin) 내성에 대해 다시 선별된 후, 예를 들어, VCMS 13 헬퍼 파지로 감염되어 항체 디스플레이 및 시험관내 선별의 제2 순환을 개시할 수 있다. 통상적으로 총 4 또는 5 순환의 선별을 수행한다. 단리된 결합 물질의 결합은 유세포분류 분석(하기 실시예 4 참조)을 이용하여 표면에 디스플레이된 EpCAM에 융합된 N-말단 CD3 엡실론 서열을 보유하는 CD3 엡실론 양성 Jurkat 세포, HPBall 세포, PBMC 또는 형질감염된 진핵 세포에 대해 시험할 수 있다.

[0407] 바람직하게는, 상기 방법은 CD3 엡실론의 세포외 도메인의 단편이 서열번호 2, 4, 6 또는 8에 기재된 아미노산 서열들 중 어느 한 아미노산 서열을 가진 폴리펩티드의 1개 이상의 단편으로 구성되는 방법일 수 있다. 보다 바람직하게는, 상기 단편은 길이가 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 또는 27개 아미노산 잔기이다.

[0408] 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 이러한 확인 방법은 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론의 에피토프에 결합하는 종간 특이적 결합 도메인을 포함하는 복수의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 스크리닝하는 방법일 수 있다. 대안적으로, 상기 확인 방법은 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론의 에피토프에 결합하는 종간 특이적 결합 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 정제/단리 방법이다.

[0409] 나아가, 본 발명은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 또는 전술된 방법에 의해 제조된 이중특이적 단일쇄 항체를 포함하는 조성물을 제공한다.

[0410] *또한, 본 발명은 암 또는 자가면역 질환의 예방, 치료 또는 완화에서 사용될 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 또는 본원에 정의된 방법에 의해 제조된 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 제공한다.

[0411] 바람직하게는, PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우 상기 암은 전립선암, 방광암 또는 췌장암이다.

[0412] CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 B 세포 악성 종양, 예컨대, B-NHL(B 세포 비-호지킨 림프종), B-ALL(급성 림프모구 B 세포 백혈병), B-CLL(만성 림프구 B 세포 백혈병) 또는 다발성 골수종이다(이때, 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 CD19 양성 암 줄기 세포/암 개시 세포를 고갈시킴). 그러나, 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 B 세포 매개 자가면역 질환 또는 병원성 B 세포 기여와 관련된 자가면역 질환, 예컨대, 류마티스성 관절염 또는 B 세포의 고갈의 예방, 치료 또는 완화에도 사용된다.

[0413] c-METxCD 이중특이적 단일쇄 항체의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종, 육종, 교모세포종/성상아교세포종, 흑색종, 중피종, 윌름스 종양 또는 조혈 악성 종양, 예컨대, 백혈병, 림프종 또는 다발성 골수종이다. 이중특이적 단일쇄 항체로 치료될 수 있는 다양한 암 종류의 포괄적인 목록은 예를 들어, 웹사이트(http://www.vai.org/met/)에서 찾을 수 있다.

[0414] 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종(유방, 신장, 폐, 결장직장, 결장 또는 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)을 포함하나 이들로 한정되지 않는다.

[0415] EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암 또는 최소 잔류 암이다.

[0416] FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암이다.

[0417] IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 골 또는 연 조직 암(예컨대, 에윙 육종), 유방암, 간암, 폐암, 두경부암, 결장직장암, 전립선암, 평활근육종, 자궁암, 자궁내막암, 난소암 및 췌장암이다. 대안적으로, 본 발명의 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 자가면역 질환, 바람직하게는 건선

의 예방, 치료 또는 완화에도 사용된다.

[0418] 이중특이적 단일쇄는 담체, 안정화제 및/또는 부형제의 적절한 제제를 추가로 포함하는 것이 바람직하다. 뿐만 아니라, 상기 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 추가 약제와 함께 투여되기에 적합한 것이 바람직하다. 상기 약제는 비-단백질성 화합물 또는 단백질성 화합물일 수 있고 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체 분자와 동시에 또는 비-동시에 투여될 수 있다.

[0419] 본 발명에 따라, 용어 "약학 조성물"은 환자, 바람직하게는 인간 환자에게 투여될 조성물을 의미한다. 본 발명의 특히 바람직한 약학 조성물은 환경-독립적인 CD3 에피토프에 대해 유도되고 생성된 이중특이적 단일쇄 항체를 포함한다. 바람직하게는, 약학 조성물은 담체, 안정화제 및/또는 부형제의 적절한 제제를 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 약학 조성물은 비경구, 경피, 강내, 동맥내, 경막내 및/또는 비강내 투여, 또는 조직 내로의 직접적인 주사를 위한 조성물을 포함한다. 특히, 상기 조성물은 관주 또는 주사를 통해 환자에게 투여된다. 적절한 조성물의 투여는 다양한 방법, 예를 들어, 정맥내, 복강내, 피하, 근육내, 국소 또는 피내 투여에 의해 수행될 수 있다. 구체적으로, 본 발명은 적절한 조성물의 비-간헐적 투여를 제공한다. 비-제한적 예로서, 비-간헐적, 즉 연속적 투여는 환자의 체내로의 치료제의 유입을 계측하기 위해 환자에게 착용되는 작은 펌프 시스템에 의해 실현될 수 있다. 본 발명의 환경-독립적인 CD3 에피토프에 대해 유도되고 생성된 이중특이적 단일쇄 항체를 포함하는 약학 조성물은 상기 펌프 시스템을 이용하여 투여할 수 있다. 이러한 펌프 시스템은 당분야에 일반적으로 공지되어 있고 통상적으로 관주될 치료제를 함유하는 카트리지의 주기적 교환에 의존한다. 이러한 펌프 시스템에서 카트리지를 교환하는 경우, 환자의 체내로의 치료제의 다른 비-간헐적 유입의 일시적인 중단이 일어날 수 있다. 이러한 경우, 카트리지 교환 전 투여 주기, 및 카트리지 교환 후 투여 주기는 이러한 치료제의 "비-간헐적 투여"를 구성하는 본 발명의 약학적 수단 및 방법의 의미 내에서 여전히 고려될 것이다.

[0420] 본 발명의 환경-독립적인 CD3 에피토프에 대해 유도되고 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 연속적 또는 비-간헐적 투여는 저장기로부터 유체를 배출시키는 유체 배출 기작 및 상기 배출 기작을 작동시키는 작동 기작을 포함하는 유체 전달 장치 또는 작은 펌프 시스템에 의한 정맥내 또는 피하 투여일 수 있다. 피하 투여용 펌프 시스템은 환자의 피부를 침투하형 적절한 조성물을 환자의 체내로 전달하는 바늘 또는 캐뉼라를 포함할 수 있다. 상기 펌프 시스템은 정맥, 동맥 또는 혈관과 무관하게 환자의 피부에 직접 고착되거나 부착되어, 상기 펌프 시스템과 환자의 피부의 직접적인 접촉을 가능하게 할 수 있다. 펌프 시스템은 24시간 내지 수일 동안 환자의 피부에 부착될 수 있다. 펌프 시스템은 작은 부피를 위해 저장기의 크기가 작을 수 있다. 비-제한적 예로서, 투여되기에 적합한 약학 조성물을 위한 저장ㅊ기의 부피는 0.1 내지 50 ㎖일 수 있다.

[0421] 연속적 투여는 피부 상에 부착되고 주기적으로 교체되는 패치에 의한 경피 투여일 수 있다. 당업자는 이 목적에 적합한 약물 전달용 패치 시스템을 인식하고 있다. 경피 투여가 특히 비-간헐적 투여에 적합할 수 있다는 것이 주목되는데, 이는 유리하게는 새로운 제2 패치가 사용된 제1 패치의 제거 전에 예를 들어, 사용된 제1 패치에 바로 인접하는 피부의 표면 상에 부착됨과 동시에 사용된 제1 패치의 교환이 달성될 수 있기 때문이다. 유입 중단 또는 전지 고장의 문제는 발생하지 않는다.

[0422] 특히 환경-독립적인 CD3 에피토프에 대해 유도되고 생성된 이중특이적 단일쇄 항체를 포함하는 본 발명의 조성물은 약학적으로 허용가능한 염을 추가로 포함할 수 있다. 적절한 약학적 담체의 예는 당분야에 잘 공지되어 있고 용액, 예를 들어, 인산염 완충 생리식염수, 물, 에멀젼, 예컨대, 오일/물 에멀젼, 다양한 종류의 습윤제, 멸균 용액, 리포좀 등을 포함한다. 이러한 담체를 포함하는 조성물은 잘 공지되어 있는 보편적인 방법에 의해 제제화될 수 있다. 제제는 탄수화물, 완충 용액, 아미노산 및/또는 계면활성제를 포함할 수 있다. 탄수화물은 비-환원 당, 바람직하게는 트레할로스, 수크로스, 옥타설페이트, 소르비톨 또는 자일리톨일 수 있다. 이러한 제제는 펌프 시스템을 사용하고/하거나 사용하지 않는 정맥내 또는 피하 투여일 수 있는 연속적 투여에 사용될 수 있다. 아미노산은 하전된 아미노산, 바람직하게는 라이신, 라이신 아세테이트, 아르기닌, 글루타메이트 및/또는 히스티딘일 수 있다. 계면활성제는 세제, 바람직하게는 분자량이 1.2 kD을 초과하는 세제 및/또는 폴리에테르, 바람직하게는 분자량이 3 kD을 초과하는 폴리에테르일 수 있다. 바람직한 세제의 비-제한적 예는 트윈(Tween) 20, 트윈 40, 트윈 60, 트윈 80 또는 트윈 85이다. 바람직한 폴리에테르의 비-제한적 예는 PEG 3000, PEG 3350, PEG 4000 또는 PEG 5000이다. 본 발명에서 사용되는 완충 시스템의 바람직한 pH는 5 내지 9일 수 있고 상기 완충 시스템은 시트레이트, 석시네이트, 포스페이트, 히스티딘 및 아세테이트를 포함할 수 있다. 본 발명의 조성물은 예를 들어, 비-침팬지 영장류, 예컨대, 짧은꼬리 원숭이에 대해 본원에 기재된 종간 특이성을 나타내는 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 투여량을 증가시키면서 투여하는 투여량 증가 연구에 의해 확인될 수 있는 적정한 투여량으로 대상체(subject)에 투여될 수 있다. 전술된 바와 같이, 본원에 기재된 종간 특이성을 나타내는 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 비-침팬지 영장류에서 임상전 시험에서 동일한 형

태로 유리하게 사용될 수 있고 인간에서 약제로서 사용될 수 있다. 상기 조성물은 다른 단백질성 약제 및 비-단백질성 약제와 함께 투여될 수도 있다. 이 약제들은 본원에 정의된 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 포함하는 조성물과 동시에 투여될 수 있거나 상기 폴리펩티드를 시간적으로 지정된 간격 및 투여량으로 투여하기 전 또는 후에 따라 투여될 수 있다. 투약 방법은 주치의 및 임상적 인자들에 의해 결정될 것이다. 의약 분야에 잘 공지되어 있는 바와 같이, 임의의 한 환자에 대한 투여량은 환자의 키, 신체 표면 면적, 연령, 투여될 구체적인 화합물, 성별, 투여 시간 및 경로, 일반적인 건강 및 함께 투여되는 다른 약제를 포함하는 많은 인자들에 달려 있다. 비경구 투여용 제제는 멸균 수성 또는 비-수성 용액, 현탁액 및 에멀젼을 포함한다. 비-수성 용매의 예로는 프로필렌 글리콜, 폴리에틸렌 글리콜, 식물성 오일, 예컨대, 올리브 오일, 및 주사가능한 유기 에스터, 예컨대, 에틸 올레에이트가 있다. 수성 담체는 물, 알코올성/수성 용액, 에멀젼 또는 현탁액(생리식염수 및 완충 매질을 포함함)을 포함한다. 비경구 비히클은 염화나트륨 용액, 링거 덱스트로스, 덱스트로스 및 염화나트륨, 락테이트 링거 또는 고정된 오일을 포함한다. 정맥내 비히클은 유체 및 영양 보충제, 전해질 보충제(예컨대, 링거 덱스트로스를 기초로 한 보충제) 등을 포함한다. 보존제 및 다른 첨가제, 예를 들어, 항생제, 항산화제, 킬레이팅제, 불활성 기체 등도 존재할 수 있다. 또한, 본 발명의 조성물은 단백질성 담체, 예컨대, 혈청 알부민 또는 면역글로불린, 바람직하게는 인간으로부터 유래된 혈청 알부민 또는 면역글로불린을 포함할 수 있다. 본 발명의 조성물이 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체 분자 이외에 상기 조서물의 의도된 용도에 따라 생물학적 활성제를 추가로 포함하는 것도 예측된다. 이러한 활성제는 위장 시스템에 작용하는 약제, 세포증식억제제로서 작용하는 약제, 고뇨산혈증을 예방하는 약제, 면역반응을 억제하는 약제(예를 들어, 코르티코스테로이드), 염증 반응을 조절하는 약제, 순환 시스템에 작용하는 약제 및/또는 당분야에 공지되어 있는 사이토카인과 같은 물질일 것이다.

[0423] 본원에 정의된 약학 조성물의 생물학적 활성은 예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호 또는 문헌(Schlereth et al., Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12)에 기재된 세포독성 분석에 의해 측정될 수 있다. 본원에서 사용된 "효능" 또는 "생체내 효능"은 예를 들어, 표준 NCI 반응 기준을 이용하여 측정된, 본 발명의 약학 조성물에 의한 치료에 대한 반응을 의미한다. 본 발명의 약학 조성물을 사용한 경우 치료의 성공 또는 생체내 효능은 의도된 목적에 대한 상기 조성물의 효능, 즉 원하는 효과, 즉 병원성 세포, 예를 들어, 종양 세포의 고갈을 발생시키는 조성물의 능력을 의미한다. 생체내 효능은 개개의 질환에 대해 확립된 표준 방법(백혈구 세포 카운트, 감별(differentials), 형광 활성화된 세포 분류, 골수 흡입을 포함하나 이들로 한정되지 않음)에 의해 모니터링될 수 있다. 또한, 다양한 질환 특이적 임상적 화학 파라미터 및 다른 확립된 표준 방법이 이용될 수 있다. 나아가, 컴퓨터-보조 단층촬영, X-선, 핵 자기 공명 단층촬영(예를 들어, 국립 암 연구소-기준을 기초로 한 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]), 양성자-방출 단층촬영 스캐닝, 백혈구 세포 카운트, 감별, 형광 활성화된 세포 분류, 골수 흡입, 림프절 생검/조직분석, 및 다양한 암 특이적 임상적 화학 파라미터(예를 들어, 락테이트 데하이드로게네이즈) 및 다른 확립된 표준 방법이 이용될 수 있다.

[0424] 약제, 예컨대, 본 발명의 조성물의 개발에 있어서 또 다른 주된 문제점은 약물동력학적 성질의 예측가능한 조절이다. 이를 위해, 약제 후보물질의 약물동력학적 프로파일, 즉 소정의 증상을 치료하기 위한 특정 약제의 능력에 영향을 미치는 약물동력학적 파라미터의 프로파일이 확립된다. 소정의 질환을 치료하기 위한 약제의 능력에 영향을 미치는 약제의 약물동력학적 파라미터는 반감기, 분포 부피, 간 제1-통과 대사 및 혈액 혈청 결합 정도를 포함하나 이들로 한정되지 않는다. 소정의 약제의 효능은 전술된 파라미터 각각에 의해 영향을 받을 수 있다.

[0425] "반감기"는 투여된 약제의 50%가 생물학적 과정, 예를 드어, 대사, 분비 등을 통해 제거되는 시간을 의미한다.

[0426] "간 제1-통과 대사"는 간과 처음으로 접촉하였을 때, 즉 제1 간 통과 과정 동안 대사되는 약제의 성향을 의미한다.

[0427] "분포 부피"는 신체의 다양한 구획, 예를 들어, 세포내 공간, 세포외 공간, 조직 및 기간 등 전체에서 약제의 보유 정도 및 상기 구획들 내에서의 약제의 분포를 의미한다.

[0428] "혈액 혈청 결합 정도"는 혈액 혈청 단백질, 예컨대, 알부민과 상호작용하고 결합하여 약제의 생물학적 활성의

감소 또는 손실을 초래하는 약제의 성향을 의미한다.

[0429] 약물동력학적 파라미터는 소정량의 투여된 약제에 대한 생체이용률, 지연 시간(T_{lag}), T_{max}, 흡수 속도, 보다 느린 발병 및/또는 C_{max} 또한 포함한다.

[0430] "생체이용률"은 혈액 구획에 존재하는 약제의 양을 의미한다.

[0431] "지연 시간"은 약제의 투여 시간과 혈액 또는 혈장에서 약제의 검출 및 측정 시간 사이의 시간 지연을 의미한다.

[0432] "T_{max}"는 약제의 최대 혈중 농도에 도달되는 데 소요되는 시간이고, "C_{max}"는 소정의 약제에서 최대로 달성되는 혈중 농도이다. 생물학적 효과에 필요한 약제의 혈중 또는 조직 농도에 도달되는 데 소요되는 시간은 모든 파라미터에 의해 영향을 받는다. 전술된 바와 같이 비-침팬지 영장류에서 임상전 동물 시험에서 측정될 수 있는, 종간 특이성을 나타내는 이중특이적 단일쇄 항체의 약물동력학적 파라미터는 예를 들어, 문헌(Schlereth et al., Cancer Immunol. Immunother. 20 (2005), 1-12)에도 기재되어 있다.

[0433] 본원에서 사용된 용어 "독성"은 부작용 또는 심각하게 부작용에서 발현되는 약제의 독성 효과를 의미한다. 이 부작용 사건은 일반적으로 약제의 내약성 결여, 및/또는 투여 후 국소적인 내약성의 결여를 의미한다. 독성은 약제에 의해 야기되는 기형발생 또는 발암 효과도 포함할 수 있다.

[0434] 본원에서 사용된 용어 "안전성", "생체내 안전성" 또는 "내약성"은 투여 후(국소적 내약성) 및 약제의 보다 긴 사용 기간 동안 심각하게 부작용을 직접적으로 유도하지 않는 약제의 투여를 의미한다. "안전성", "생체내 안전성" 및 "내약성"은 치료 및 후속 기간 동안 예를 들어, 정기적으로 평가될 수 있다. 측정은 임상 평가, 예를 들어, 기관의 임상적 발현, 및 실험실 기형의 스크리닝을 포함한다. 임상 평가는 NCI-CTC 및/또는 MedDRA 표준에 따라 기록되고/코딩되는 정상적인 발견을 벗어나서 수행될 수 있다. 기관의 임상적 발현은 예컨대, 부작용에 대한 공통된 용어 기준 v3.0(CTCAE)에 기재된 바와 같은 기준, 알레르기/면역학, 혈액/골수, 심장 부정맥, 응고 등을 포함할 수 있다. 시험될 수 있는 실험실 파라미터는 예를 들어, 혈액학, 임상 화학, 응고 프로파일 및 소변 분석 및 다른 체액, 예컨대, 혈청, 혈장, 림프액 또는 척수액, 액체 등의 조사를 포함한다. 따라서, 안전성은 예를 들어, 신체 검사, 영상 기법(즉, 초음파, X-선, CT 스캔, 자기 공명 영상(MRI)), 기술적 장치(즉, 심전도)를 사용한 다른 수단, 활력 증상, 실험실 파라미터의 측정 및 부작용 기록에 의해 평가될 수 있다. 예를 들어, 본 발명에 따른 용도 및 방법에서 비-침팬지 영장류에서의 부작용은 조직병리학적 방법 및/또는 조직화학적 방법에 의해 검사될 수 있다.

[0435] 본원에서 사용된 용어 "효과적 및 무독성 투여량"은 주된 독성 효과를 나타내지 않거나 본질적으로 나타내지 않으면서 병리학적 세포의 고갈, 종양 제거, 종양 축소 또는 질환 안정화를 발생시키기에 충분히 높은, 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체의 허용가능한 투여량을 의미한다. 이러한 효과적 및 무독성 투여량은 예를 들어, 당분야에 공지되어 있는 투여량 증가 연구에 의해 결정될 수 있고 심각하게 불리한 부작용 사건을 유도하지 않는 투여량(독성을 한정하는 투여량, DLT) 미만이어야 한다.

[0436] 상기 용어들은 예를 들어, 생물공학-유래의 약제의 임상전 평가 S6(ICH Harmonised Tripartite Guideline; ICH Steering Committee meeting on July 16, 1997)에서도 언급되어 있다.

[0437] 뿐만 아니라, 본 발명은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자 또는 본 발명의 방법에 따라 제조된 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 포함하는, 암 또는 자가면역 질환의 예방, 치료 또는 완화를 위한 약학 조성물에 관한 것이다.

[0438] 바람직하게는, PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우 상기 암은 전립선암, 방광암 또는 췌장암이다.

[0439] 바람직하게는, CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 B 세포 악성 종양, 예컨대, 비-호지킨 림프종, B 세포 매개 자가면역 질환 또는 B 세포의 고갈이다.

[0440] 바람직하게는, c-METxCD 이중특이적 단일쇄 항체의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종, 육종, 교모세포종/성상아교세포종, 흑색종, 중피종, 윌름스 종양 또는 조혈 악성 종양, 예컨대, 백혈병, 림프종 또는 다발성 골수종이다.

[0441] 바람직하게는, 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종(유방, 신장, 폐, 결장직장, 결장 또는 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)이다.

[0442] 바람직하게는, EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암 또는 최소 잔류 암이다.

[0443] 바람직하게는, FAP α xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암이다.

[0444] 바람직하게는, IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 골 또는 연 조직 암(예컨대, 에윙 육종), 유방암, 간암, 폐암, 두경부암, 결장직장암, 전립선암, 평활근육종, 자궁암, 자궁내막암, 난소암 및 췌장암이다. 대안적으로, 본 발명의 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 자가면역 질환, 바람직하게는 건선의 예방, 치료 또는 완화에도 사용된다.

[0445] 바람직하게는, 상기 약학 조성물은 담체, 안정화제 및/또는 부형제의 적절한 제제를 추가로 포함한다.

[0446] 본 발명의 추가 양태는 질환의 예방, 치료 또는 완화를 위한 약학 조성물의 제조를 위한, 본원에 정의된 이중특이적 단일쇄 항체 분자/폴리펩티드 또는 본원에 정의된 방법에 따라 제조된 이중특이적 단일쇄 항체 분자/폴리펩티드의 용도에 관한 것이다. 바람직하게는, 상기 질환은 암 또는 자가면역 질환이다.

[0447] 보다 바람직하게는, PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우 상기 암은 전립선암, 방광암 또는 췌장암이다.

[0448] 보다 바람직하게는, CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 B 세포 악성 종양, 예컨대, 비-호지킨 림프종, B 세포 매개 자가면역 질환 또는 B 세포의 고갈이다.

[0449] 보다 바람직하게는, c-METxCD 이중특이적 단일쇄 항체의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종, 육종, 교모세포종/성상아교세포종, 흑색종, 중피종, 윌름스 종양 또는 조혈 악성 종양, 예컨대, 백혈병, 림프종 또는 다발성 골수종이다.

[0450] *보다 바람직하게는, 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종(유방, 신장, 폐, 결장직장, 결장 또는 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)이다.

[0451] 보다 바람직하게는, EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암 또는 최소 잔류 암이다.

[0452] 보다 바람직하게는, FAP α xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암이다.

[0453] 보다 바람직하게는, IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 골 또는 연 조직 암(예컨대, 에윙 육종), 유방암, 간암, 폐암, 두경부암, 결장직장암, 전립선암, 평활근육종, 자궁암, 자궁내막암, 난소암 및 췌장암이다. 대안적으로, 본원에 정의된 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자/폴리펩티드는 자가면역 질환, 바람직하게는 건선의 예방, 치료 또는 완화에도 사용된다.

[0454] 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 또 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 약학 조성물은 추가 약제와 함께, 즉 동시-요법의 일부로서 투여되기에 적합하다. 상기 동시-요법에서, 활성제는 경우에 따라 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자와 동일한 약학 조성물에 포함될 수 있거나 별도의 약학 조성물에 포함될 수 있다. 후자의 경우, 상기 별도의 약학 조성물은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 포함하는 상기 약학 조성물의 투여 전에, 투여와 동시에 또는 투여 후에 투여되기에 적합하다. 추가 약제 또는 약학 조성물은 비-단백질성 화합물 또는 단백질성 화합물일 수 있다. 추가 약제가 단백질성 화합물인 경우, 추가 약제가 단백질성 화합물인 경우, 상기 단백질성 화합물이 면역 이펙터 세포의 활성화 신호를 제공할 수 있는 것이 유리하다.

[0455] 바람직하게는, 상기 단백질성 화합물 또는 비-단백질성 화합물은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 전술된 핵산 분자, 전술된 바와 같이 정의된 벡터 또는 전술된 바와 같이 정의된 숙주와 동시에 또는 비-동시에 투여될 수 있다.

[0456] 본 발명의 또 다른 양태는 유효량의 본 발명의 약학 조성물을 투여하는 단계를 포함하는, 질환의 예방, 치료 또는 완화가 필요한 대상체에서 상기 질환을 예방하거나, 치료하거나 완화하는 방법에 관한 것이다. 바람직하게는, 상기 질환은 암 또는 자가면역 질환이다.

[0457] 보다 바람직하게는, PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우 상기 암은 전립선암, 방광암 또는 췌장암이다.

[0458] 보다 바람직하게는, CD19xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 B 세포 악성 종양, 예컨대, 비-호지킨 림프종, B 세포 매개 자가면역 질환 또는 B 세포의 고갈이다.

[0459] 보다 바람직하게는, c-METxCD 이중특이적 단일쇄 항체의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종, 육종, 교모세포종/성상아교세포종, 흑색종, 중피종, 윌름스 종양 또는 조혈 악성 종양, 예컨대, 백혈병, 림프종 또는 다발성 골수종이다.

[0460] *보다 바람직하게는, 엔도시알린xCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 암종(유방, 신장, 폐, 결장직장, 결장 또는 췌장 중피종), 육종 및 신경외배엽 종양(흑색종, 아교종, 신경모세포종)이다.

[0461] 보다 바람직하게는, EpCAMxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암 또는 최소 잔류 암이다.

[0462] 보다 바람직하게는, FAPαxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 상피암이다.

[0463] 보다 바람직하게는, IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 경우, 상기 암은 바람직하게는 골 또는 연 조직암(예컨대, 에윙 육종), 유방암, 간암, 폐암, 두경부암, 결장직장암, 전립선암, 평활근육종, 자궁암, 자궁내막암, 난소암 및 췌장암이다. 대안적으로, 본원에 정의된 IGF-1RxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자/는 자가면역 질환, 바람직하게는 건선의 예방, 치료 또는 완화에도 사용된다.

[0464] 본 발명의 방법의 또 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 약학 조성물은 추가 약제와 함께, 즉 동시-요법의 일부로서 투여되기에 적합하다. 상기 동시-요법에서, 활성제는 경우에 따라 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자와 동일한 약학 조성물에 포함될 수 있거나 별도의 약학 조성물에 포함될 수 있다. 후자의 경우, 상기 별도의 약학 조성물은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 포함하는 상기 약학 조성물의 투여 전에, 투여와 동시에 또는 투여 후에 투여되기에 적합하다. 추가 약제 또는 약학 조성물은 비-단백질성 화합물 또는 단백질성 화합물일 수 있다. 추가 약제가 단백질성 화합물인 경우, 추가 약제가 단백질성 화합물인 경우, 상기 단백질성 화합물이 면역 이펙터 세포의 활성화 신호를 제공할 수 있는 것이 유리하다.

[0465] 바람직하게는, 상기 단백질성 화합물 또는 비-단백질성 화합물은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 전술된 핵산 분자, 전술된 바와 같이 정의된 벡터 또는 전술된 바와 같이 정의된 숙주와 동시에 또는 비-동시에 투여될 수 있다.

[0466] 본 발명의 상기 방법에 있어서 상기 대상체는 인간인 것이 바람직하다.

[0467] 추가 양태에서, 본 발명은 본 발명의 이중특이적 단일쇄 항체 분자, 본 발명의 핵산 분자, 본 발명의 벡터 또는 본 발명의 숙주를 포함하는 키트에 관한 것이다.

[0468] 이 실시양태들 및 다른 실시양태들은 본 발명의 설명 및 실시예에 의해 개시되고 포괄된다. 면역학 분야의 재조합 기법 및 방법은 예를 들어, 문헌(Sambrook et al. Molecular Cloning: A Laboratory Manual; Cold Spring Harbor Laboratory Press, 3rd edition 2001; Lefkovits; Immunology Methods Manual; The Comprehensive Sourcebook of Techniques; Academic Press, 1997; Golemis; Protein-Protein Interactions: A Molecular Cloning Manual; Cold Spring Laboratory Press, 2002)에 기재되어 있다. 본 발명에 따라 사용되는 항체, 방법, 용도 및 화합물 중 어느 하나에 관한 추가 문헌은 예를 들어, 전자 장치를 이용하여 공공 도서관 및 데이터베이스로부터 검색될 수 있다. 예를 들어, 인터넷 상에서 입수가능한 공개 데이터 "Medline"이 예를 들어, 웹사이트(http://www.ncbi.nlm.nih.gov/PubMed/medline.html)에서 이용될 수 있다. 추가 데이터베이스 및 주소, 예컨대, 웹사이트(http://www.ncbi.nlm.nih.gov/)에서 EMBL-서비스 홈페이즈에 등록된 웹사이트(http://www.embl.de/services/index.html)는 당업자에게 공지되어 있고, 예를 들어, 웹사이트(http://www.google.com)를 이용하여 입수할 수도 있다.

[0469] 본 발명은 본 발명의 보다 우수한 이해 및 많은 이점을 제공하는 하기 예시적 비-제한적 실시예를 통해 더 설명된다.

[0470] [실시예]

[0471] 1. 비-인간 영장류의 혈액 샘플로부터 CD3 엡실론 서열의 확인

[0472] 하기 비-인간 영장류의 혈액 샘플을 CD3 엡실론 확인에 사용하였다: 칼리트릭스 자쿠스, 사귀너스 오에디퍼스 및 사이미리스 시우레우스. 제조자의 프로토콜(QIAamp RNA 블러드 미니 키트, 퀴아젠)에 따라 총 세포 RNA의 단리를 위해 신선한 헤파린-처리된 전혈 샘플을 준비하였다. 추출된 mRNA를 공개된 프로토콜에 따라 cDNA로 전사하였다. 요약하건대, 침전된 RNA 10 ㎕를 70℃에서 10x 헥사뉴클레오티드 혼합물(로슈) 1.2 ㎕와 함께 10분 동안 항온처리하고 얼음 상에서 보관하였다. 5x 수퍼스크립트 II 안충제 4 ㎕, 0.1 M 다이티오트레이톨 0.2

㎕, 수퍼스크립트 II(인비트로겐) 0.8 ㎕, 데스옥시리보뉴클레오티드 트라이포스페이트(25 마이크로몰) 1.2 ㎕, RNase 억제제(로슈) 0.8 ㎕ 및 DNase 및 RNase 무함유 물(로슈) 1.8 ㎕로 구성된 반응 혼합물을 첨가하였다. 상기 반응 혼합물을 실온에서 10분 동안 항온처리한 후 42℃에서 50분 동안 항온처리하고 90℃에서 5분 동안 항온처리하였다. 반응물을 얼음 상에서 냉각시킨 후, RNaseH(1 U/㎕, 로슈) 0.8 ㎕를 첨가하고 37℃에서 20분 동안 항온처리하였다.

[0473] 종 각각으로부터 수득된 제1 가닥 cDNA에 대해 Taq DNA 중합효소(시그마) 및 데이터베이스 검색을 기초로 디자인된 하기 프라이머 조합물을 사용하여 별도의 35-주기 중합효소 연쇄 반응을 수행하였다: 전방향 프라이머 5'-AGAGTTCTGGGCCTCTGC-3'(서열번호 253); 역방향 프라이머 5'-CGGATGGGCTCATAGTCTG-3'(서열번호 254). 증폭된 550 bp-밴드를 겔 정제하고(겔 추출 키트, 퀴아젠) 서열을 분석하였다(시퀴이서브(Sequiserve), 독일 바테르스테텐 소재, 서열목록 참조).

[0474] CD3 엡실론 칼리트릭스 자쿠스

[0475] 뉴클레오티드

[0476] CAGGACGGTAATGAAGAAATGGGTGATACTACACAGAACCCATATAAAGTTTCCATCTCAGGAACCACAGTAACACTGACATGCCCTCGGTATGATGGACAT
GAAATAAAATGGCTCGTAAATAGTCAAAACAAAGAAGGTCATGAGGACCACCTGTTACTGGAGGACTTTTCGGAAATGGAGCAAAGTGGTTATTATGCCTGC
CTCTCCAAAGAGACTCCCGCAGAAGAGGCGAGCCATTATCTCTACCTGAAGGCAAGAGTGTGTGAGAACTGCGTGGAGGTGGAT

[0477] 아미노산(서열번호 3)

[0478] QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLTCPRYDGHEIKWLVNSQNKEGHEDHLLLEDFSEMEQSGYYACLSKETPAEEASHYLYLKARVCENCVEVD

[0479] CD3 엡실론 사귀너스 오에디퍼스

[0480] 뉴클레오티드

[0481] CAGGACGGTAATGAAGAAATGGGTGATACTACACAGAACCCATATAAAGTTTCCATCTCAGGAACCACAGTAACACTGACATGCCCTCGGTATGATGGACAT
GAAATAAAATGGCTTGTAAATAGTCAAAACAAAGAAGGTCATGAGGACCACCTGTTACTGGAGGATTTTTCGGAAATGGAGCAAAGTGGTTATTATGCCTGC
CTCTCCAAAGAGACTCCCGCAGAAGAGGCGAGCCATTATCTCTACCTGAAGGCAAGAGTGTGTGAGAACTGCGTGGAGGTGGAT

[0482] *아미노산(서열번호 5)

[0483] QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLTCPRYDGHEIKWLVNSQNKEGHEDHLLLEDFSEMEQSGYYACLSKETPAEEASHYLYLKARVCENCVEVD

[0484] CD3 엡실론 사이미리스 시우레우스

[0485] 뉴클레오티드

[0486] CAGGACGGTAATGAAGAGATTGGTGATACTACCCAGAACCCATATAAAGTTTCCATCTCAGGAACCACAGTAACACTGACATGCCCTCGGTATGATGGACAG
GAAATAAAATGGCTCGTAAATGATCAAAACAAAGAAGGTCATGAGGACCACCTGTTACTGGAAGATTTTTCAGAAATGGAACAAAGTGGTTATTATGCCTGC
CTCTCCAAAGAGACCCCCACAGAAGAGGCGAGCCATTATCTCTACCTGAAGGCAAGAGTGTGTGAGAACTGCGTGGAGGTGGAT

[0487] 아미노산(서열번호 7)

[0488] QDGNEEIGDTTQNPYKVSISGTTVTLTCPRYDGQEIKWLVNDQNKEGHEDHLLLEDFSEMEQSGYYACLSKETPTEEASHYLYLKARVCENCVEVD

[0489] 2. 인간 및 다양한 비-침팬지 영장류의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산에 결합하는 종간 특이적 단일쇄 항체 단편의 생성

[0490] 2.1. 이종 가용성 단백질과의 융합에 의해 천연 CD3-환경으로부터 분리된 CD3 엡실론의 N-말단을 사용한 마우스의 면역화

[0491] balb/c x C57블랙 교배로부터 수득된 10주령의 F1 마우스를 인간 및/또는 사이미리스 시우레우스의 성숙 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산(1 내지 27 CD3-Fc)를 보유하는 CD3 엡실론-Fc 융합 단백질로 면역화시켰다. 이를 위해, 마우스 당 40 ㎍의 1 내지 27 CD3-Fc 융합 단백질을 PBS 300 ㎕ 중의 티오에이트-변경된 CpG-올리고뉴클레오티드(5'-tccatgacgttcctgatgct-3')(서열번호 343)와 함께 복강 내로 주사하였다. 마우스는 21일, 42일 및 경우에 따라 63일 후에 동일한 방식으로 부스터 면역화를 제공받았다. 제1 부스터 면역화를 수행한 지 10일 후, 혈액 샘플을 채취하여 1 내지 27 CD3-Fc 융합 단백질에 대한 항체 혈청 역가를 ELISA로 시험하였다. 추가로, CD3 양성 인간 T 세포주 HPBall에 대한 역가를 표준 프로토콜에 따라 유세포분류기에서 시험하였다. 혈청 역가는 비-면역화된 동물보다 면역화된 동물에서 훨씬 더 높았다.

[0492] 2.2. 면역 뮤린 항체 scFv 라이브러리의 발생: 조합 항체 라이브러리 파지 디스플레이의 구축

[0493] 마지막 주사로부터 3일 후, 뮤린 비장 세포를 표준 프로토콜에 따라 총 RNA의 준비를 위해 수거하였다.

[0494] 뮤린 면역글로불린(Ig) 경쇄(카파) 가변 영역(VK) 및 Ig 중쇄 가변 영역(VH) DNA 단편의 라이브러리는 VK 및 VH 특이적 프라이머를 사용하여 뮤린 비장 RNA에 대한 RT-PCR을 수행함으로써 구축하였다. cDNA는 표준 프로토콜에 따라 합성하였다.

[0495] 프라이머는 증폭된 중쇄 V 단편을 위한 5'-XhoI 및 a 3'-BstEII 인식 부위 및 증폭된 VK DNA 단편을 위한 5'-SacI 및 a 3'-SpeI 인식 부위를 발생시키는 방식으로 디자인되었다. VH DNA 단편의 증폭을 위해 8종의 상이한 5'-VH 패밀리 특이적 프라이머(MVH1 (GC)AG GTG CAG CTC GAG GAG TCA GGA CCT(서열번호 344); MVH2 GAG GTC CAG CTC GAG CAG TCT GGA CCT(서열번호 345); MVH3 CAG GTC CAA CTC GAG CAG CCT GGG GCT(서열번호 346); MVH4 GAG GTT CAG CTC GAG CAG TCT GGG GCA(서열번호 347); MVH5 GA(AG) GTG AAG CTC GAG GAG TCT GGA GGA(서열번호 348); MVH6 GAG GTG AAG CTT CTC GAG TCT GGA GGT(서열번호 349); MVH7 GAA GTG AAG CTC GAG GAG TCT GGG GGA(서열번호 350); MVH8 GAG GTT CAG CTC GAG CAG TCT GGA GCT(서열번호 351))를 1종의 3'-VH 프라이머(3'MuVHBstEII tga gga gac ggt gac cgt ggt ccc ttg gcc cca g(서열번호 352))와 각각 조합하고, VK 쇄 단편의 PCR 증폭을 위해, 7종의 상이한 5'-VK 족 특이적 프라이머(MUVK1 CCA GTT CCG AGC TCG TTG TGA CTC AGG AAT CT(서열번호 353); MUVK2 CCA GTT CCG AGC TCG TGT TGA CGC AGC CGC CC (서열번호 354); MUVK3 CCA GTT CCG AGC TCG TGC TCA CCC AGT CTC CA(서열번호 355); MUVK4 CCA GTT CCG AGC TCC AGA TGA CCC AGT CTC CA(서열번호 356); MUVK5 CCA GAT GTG AGC TCG TGA TGA CCC AGA CTC CA(서열번호 357); MUVK6 CCA GAT GTG AGC TCG TCA TGA CCC AGT CTC CA(서열번호 358); MUVK7 CCA GTT CCG AGC TCG TGA TGA CAC AGT CTC CA(서열번호 359))를 1종의 3'-VK 프라이머(3'MuVkHindIII/BsiW1 tgg tgc act agt cgt acg ttt gat ctc aag ctt ggt ccc(서열번호 360))와 각각 조합하였다.

[0496] 하기 PCR 프로그램을 증폭에 이용하였다: 94℃에서 20초 동안 변성; 52℃에서 50초 동안 프라이머 어닐링(annealing) 및 72℃에서 60초 동안 프라이머 연장 40주기; 및 이어서 72℃에서 10분 최종 연장.

[0497] 카파 경쇄 단편(SacI 및 SpeI로 절단됨) 450 ng을 파지미드 pComb3H5Bhis(SacI 및 SpeI로 절단됨; 큰 단편) 1400 ng과 라이게이션시켰다. 이어서, 생성된 조합 항체 라이브러리를 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm, 바이오라드 진-펄서)으로 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 내로 형질전환시켜 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 라이브러리를 생성하였다. 1시간의 표현형 발현 후, 양성 형질전환체를 액체 수퍼 브로쓰(SB) 밤샘 배양물 100 ㎖ 중에서 pComb3H5BHis 벡터에 의해 코딩된 카베니실린 내성에 대해 선별하였다. 이어서, 세포를 원심분리로 수거하고, 플라스미드 준비를 상업적으로 입수가능한 플라스미드 제제 키트(퀴아젠)를 사용하여 수행하였다.

[0498] VK 라이브러리를 함유하는 이 플라스미드-DNA(XhoI 및 BstEII로 절단됨; 큰 단편) 2800 ng을 중쇄 V 단편(XhoI 및 BstEII로 절단됨) 900 ng과 라이게이션시키고, 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm)으로 전기전능(electrocompetent) 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 분취액 내로 다시 형질전환시켜 라이브러리 크기가 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 총 VH-VK scFv(단일쇄 가변 단편) 라이브러리를 생성하였다.

[0499] 표현형 발현 및 카베니실린에의 느린 적응 후, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 SB-카베니실린(50 ㎍/㎖) 선별 배지 내로 옮겼다. 그 다음, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 10^{12}개 입자의 감염 투여량의 헬퍼 파지 VCSM 13으로 감염시켜 섬유상 M13 파지를 생성하고 분비시켰는데, 이 때 파지 입자는 뮤린 scFv-단편을 코딩하는 단일 가닥 pComb3H5BHis-DNA를 함유하고 파지 코트 단백질 III과의 번역 융합체로서 상응하는 scFv-단백질을 디스플레이하였다. 항체 라이브러리를 디스플레이하는 이러한 파지 풀은 추후에 항원 결합 물질의 선별에 사용되었다.

[0500] 2.3. CD3 특이적 결합제의 파지 디스플레이 기초 선별

[0501] 클로닝된 scFv 레파토리를 보유하는 파지 라이브러리를 PEG8000/NaCl 침전 및 원심분리를 이용하여 배양물 상청액 각각으로부터 수거하였다. 약 10^{11} 내지 10^{12}개의 scFv 파지 입자를 PBS/0.1% BSA 0.4 ㎖에 재현탁시키고 10^5 내지 10^7 Jurkat 세포(CD3 양성 인간 T 세포주)와 함께 서서히 교반하면서 얼음 상에서 1시간 동안 항온처리하였다. 상기 Jurkat 세포는 태아소 혈청(10%), 글루타민 및 페니실린/스트렙토마이신이 풍부한 RPMI 배지에서 미리 생장시키고 원심분리하여 수거하고 PBS에서 세척하고 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)에

재현탁시켰다. Jurkat 세포에 특이적으로 결합하지 않는 scFv 파지는 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)로 최대 5회 세척하여 제거하였다. 세척 후, 세포를 HCl-글리신(pH 2.2)(후속 볼텍싱과 함께 10분 동안 항온처리)에 재현탁시키고 2 M 트라이스(pH 12)로 중화시켜 세포로부터 결합 물질을 용출하고, 용출물을 새로운 비-감염된 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 배양물(OD600 > 0.5)의 감염에 사용하였다. 인간 scFv-단편을 코딩하는 파지미드 카피로 성공적으로 형질도입된 에스케리키아 콜라이 세포를 함유하는 에스케리키아 콜라이 배양물을 카베니실린 내성에 대해 다시 선별한 후 VCMS 13 헬퍼 파지로 감염시켜 항체 디스플레이 및 시험관내 선별의 제2 순환을 개시하였다. 통상적으로 총 4 또는 5 순환의 선별을 수행하였다.

[0502] 2.4. CD3 특이적 결합제에 대한 스크리닝

[0503] 선별 후, 팬닝의 4 및 5 순환에 상응하는 플라스미드 DNA를 에스케리키아 콜라이로부터 단리하였다. 가용성 scFv-단백질의 제조를 위해, VH-VL-DNA 단편을 플라스미드로부터 절단하였다(XhoI-SpeI). 이 단편들을 동일한 제한 부위를 통해 플라스미드 pComb3H5BFlag/His에 클로닝하였는데, 상기 플라스미드 pComb3H5BFlag/His는 발현 구축물(예를 들어, scFv)이 scFv와 His6 태그 사이에 플래그 태그(TGD YKDDDDK)를 포함하고 추가 파지 단백질이 결실되었다는 점에서 원래의 pComb3H5BHis와 상이하다. 라이게이션 후, 플라스미드 DNA의 풀 각각(팬닝의 상이한 순환)을 열 충격 전능 에스케리키아 콜라이 TG1 또는 XL1 블루 100 ㎕에 형질전환시키고 카베니실린 LB-아가 상에 플레이팅하였다. 단일 콜로니를 LB 카베니실린(50 ㎍/㎖) 100 ㎕ 내로 픽킹하였다.

[0504] VL-분절 및 VH-분절을 함유하는 pComb3H5BHis로 형질전환된 에스케리키아 콜라이는 유전자 III 단편의 절단 및 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. 적절한 신호 서열로 인해 scFv-쇄는 기능성 입체구조로 폴딩되는 원형질막공간 내로 배출된다.

[0505] 원형질막공간 소규모 제제를 위해 형질전환 플레이트로부터 단일 에스케리키아 콜라이 TG1 박테리아 콜로니를 픽킹하고 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지(예를 들어, 10 ㎖)에서 생장시켰다(수거 후 PBS(예를 들어, 1 ㎖)에 재용해시킴). -70℃에서 동결시키고 37℃에서 해동시키는 4 순환을 통해, 박테리아 외막을 열 충격으로 파괴시키고, scFv를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액으로 방출시켰다. 온전한 세포 및 세포 데브리스를 원심분리를 이용하여 제거한 후, 인간 항-인간 CD3-scFv를 함유하는 상청액을 수거하고 추가 실험에 사용하였다.

[0506] 2.5. CD3 특이적 결합제의 확인

[0507] 단리된 scFv의 결합은 CD3 엡실론의 처음 27개 N-말단 아미노산을 N-말단에서 디스플레이하는 이종 단백질을 표면 상에서 발현하는 진핵 세포 상에 대한 유세포분류에 의해 시험되었다.

[0508] 실시예 4에 기재되는 바와 같이, 인간 T 세포 수용체 결합체의 성숙 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 서열의 처음 1 내지 27 아미노산(아미노산 서열: QDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILT 서열번호 2)을 경막 단백질 EpCAM의 N-말단에 융합시켜 N-말단이 세포 외면에 위치하도록 하였다. 추가로, 플래그 에피토프를 N-말단 1 내지 27 CD3 엡실론 서열과 EpCAM 서열 사이에 삽입시켰다. 이 융합 생성물을 인간 배아 신장(HEK) 및 차이니스 햄스터 난소(CHO) 세포에서 발현시켰다.

[0509] 다른 영장류 종의 성숙 CD3 엡실론의 처음 27개 N-말단 아미노산을 디스플레이하는 진핵세포를 사이미리 시우레우스(다람쥐 원숭이)(CD3 엡실론 N-말단 아미노산 서열: QDGNEEIGDTTQNPYKVSISGTTVTLT 서열번호 8), 칼리트릭스 자쿠스(CD3 엡실론 N-말단 아미노산 서열: QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLT 서열번호 4) 및 사귀너스 오에디퍼스(CD3 엡실론 N-말단 아미노산 서열: QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLT 서열번호 6)에 대해 동일한 방식으로 준비하였다.

[0510] 유세포분류를 위해, $2.5x10^5$개의 세포를 상청액 50 ㎕와 함께, 또는 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕ 중의 정제된 구축물 5 ㎍/㎖와 함께 항온처리하였다. 구축물의 결합을 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 2 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-His 항체(펜타-His 항체, BSA 무함유, 퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재)로 검출하였다. 제2 단계로서, 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 1:100의 비로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)를 사용하였다. 샘플을 FACSscan(비디 바이오사이언시스(BD biosciences), 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[0511] 결합은 항상 인간 및 다양한 영장류(예를 들어, 사이미리스 시우레우스, 칼리트릭스 자쿠스, 사귀너스 오에디퍼스)의 일차 T 세포에 대해 상기 단락에 기재된 바와 같은 유세포분류에 의해 확인되었다.

[0512] 2.6. 비-인간 CD3 엡실론 특이적 scFv의 인간/인간화된 등가물의 생성

[0513] 뮤린 항-CD3 scFv의 VH 영역을 인간 항체 생식세포주 아미노산 서열에 대해 정렬하였다. 비-인간 VH에 대해 가능 높은 상동성을 나타내는 인간 항체 생식세포주 VH 서열을 선택하고, 2개의 아미노산 서열의 직접적인 정렬을 수행하였다. 인간 VH 골격 영역과 상이한 비-인간 VH의 다수의 골격 잔기("상이한 골격 위치")가 존재하였다. 이 잔기들의 일부는 표적에 대한 항체의 결합 및 활성에 기여할 수 있다.

[0514] 뮤린 CDR을 함유하고 선택된 인간 VH 서열과 상이한 모든 골격 위치에서 두 가지 가능한 잔기(인간 및 모계 뮤린 아미노산 잔기)을 함유하는 라이브러리를 구축하기 위해, 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성하였다. 이 올리고뉴클레오티드는 상기 상이한 위치에서 인간 잔기를 75%의 확률로 도입하고 뮤린 잔기를 25%의 확률로 도입한다. 한 인간 VH의 경우, 예를 들어, 상기 올리고뉴클렐오티드 중에서 약 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 6개의 올리고뉴클레오티드가 합성되어야 했다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이었다. 올리고뉴클레오티드 내에서 후속 클로닝에 필요한 제한 부위를 결실시켰다.

[0515] 이 프라이머의 길이는 전체 V 서열에 걸쳐 스패닝하는 데 필요한 프라이머의 수에 따라 60 내지 90개의 뉴클레오티드일 수 있다.

[0516] 예를 들어, 상기 6개의 프라이머를 동일한 양(프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 마이크로몰) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고 PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 순환기 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 이어서, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 표준 방법에 따라 크기가 200 내지 400인 생성물을 겔로부터 단리하였다.

[0517] 그 다음, 이 PCR 생성물을 N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VH의 경우 약 350개 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이 방식으로 충분한 VH DNA 단편을 증폭하였다. 이 VH 단편은 상이한 골격 위치 각각에서 상이한 양의 인간 잔기 및 뮤린 잔기를 각각 하나씩 갖는 VH 단편들의 풀이었다(인간화된 VH의 풀). 뮤린 항-CD3 scFv의 VL 영역에 대해서도 동일한 절차를 수행하였다(인간화된 VL의 풀).

[0518] 그 후, 인간화된 VH의 풀을 파지 디스플레이 벡터 pComb3H5Bhis 내에서 인간화된 VL의 풀과 조합하여 기능성 scFv의 라이브러리를 형성하고, 이 라이브러리로부터(섬유상 파지 상에의 디스플레이 후) 항-CD3 결합제를 모계 비-인간(뮤린) 항-CD3 scFv에 대해 전술된 바와 같이 선별하고 스크리닝하고 동정하고 확인하였다. 그 다음, 단일 클론을 유리한 성질 및 아미노산 서열에 대해 분석하였다. 인간 생식세포주 V-분절에 대해 가장 높은 아미노산 서열 상동성을 나타내는 scFv가 특히 바람직한데, 상기 scFv에서 VH의 CDR I 및 II 및 VL카파의 CDR I 및 II 또는 VL람다의 CDR I및 II 중 1개 이상의 CDR이 모든 인간 생식세포주 V-분절의 가장 유사한 CDR 각각에 대해 80% 이상의 아미노산 서열 동일성을 보인다. 항-CD3 scFv는 하기 실시예 9, 16 및 24에 기재된 바와 같이 재조합 이중특이적 단일쇄 항체로 전환시켰다.

[0519] 3. IgG1의 Fc 부분에 융합된 인간 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산(1 내지 27 CD3-Fc)의 재조합 융합 단백질의 생성

[0520] 3.1. 1 내지 27 CD3-Fc의 클로닝 및 발현

[0521] 인간 면역글로불린 IgG1의 힌지 및 Fc 감마 영역에 융합된 인간 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 코딩 서열 및 히스티딘 태그를 표준 프로토콜에 따라 유전자 합성으로 수득하였다(재조합 융합 단백질의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열목록 230 및 229에 기재되어 있음). 구축물의 진핵 발현을 위해 먼저 코작(Kozak) 부위를 함유한 후 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드를 함유하고, 이어서 성숙 인간 CD3 엡실론 쇄의 세포외 부위의 처음 27개 아미노산의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 인간 IgG1의 힌지 영역 및 Fc 감마 부위의 코딩 서열에 이어서 6 히스티딘 태그의 코딩 서열 및 정지 코돈을 인 프레임으로 함유하도록 유전자 합성 단편을 디자인하였다(도 1). 또한, 융합 단백질의 cDNA 코딩의 시작 및 말단 부분에 제한 부위를 도입하도록 유전자 합성 단편을 디자인하였다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 존재하는 EcoRI 및 3' 말단에 존재하는 SalI은 하기 클로닝 절차에서 사용되었다. 유전자 합성 단편은 하기 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 pEF-DHFR로 명명된 플라스미드 내로 클로닝되었다(pEF-DHFR은 문헌(Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025 and Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음). 서열 검증된 플라스미드를 제조자의 프로토콜에 따라 프리스타일(FreeStyle) 293 발현 시스템(인비트로겐 게엠베하, 독일 칼스루흐 소재)에서의 형질감염을 위해 사용하였다. 3일 후, 형질감염

체의 세포 배양물 상청액을 수거하여 ELISA 분석에서 재조합 구축물의 존재에 대해 시험하였다. 염소 항-인간 IgG, Fc-감마 단편 특이적 항체(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드(Jackson ImmunoResearch Europe Ltd.; 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로부터 입수됨)를 PBS로 5 ㎍/㎖로 희석하고 웰 당 100 ㎕를 사용하여 4℃에서 맥시소르프(MaxiSorp) 96-웰 ELISA 플레이트(넌크 게엠베하 앤드 컴파니 카게(Nunc GmbH & Co. KG; 독일 비에스바덴 소재)) 상에 밤새 코팅하였다. 웰을 0.05% 트윈 20을 함유하는 PBS(PBS/트윈)로 세척하고 실온에서 PBS 중의 3% BSA(소 알부민, 분획 V, 시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)로 60분 동안 블록킹하였다. 그 후, 웰을 PBS/트윈으로 다시 세척한 후, 실온에서 세포 배양물 상청액과 함께 60분 동안 항온처리하였다. 세척 후, 웰을 1% BSA가 함유된 PBS로 1:500으로 희석된 퍼록시데이즈 접합된 항-His6 항체(로슈 다이아그노스틱스 게엠베하, 로슈 어플라이드 사이언스, 독일 만하임 소재)와 함께 실온에서 60분 동안 항온처리하였다. 이어서, 웰을 PBS/트윈 200 ㎕로 세척하고, SIGMAFAST OPD(SIGMAFAST OPD [o-페닐렌다이아민 다이하이드로클로라이드] 기질 용액(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르겐 소재) 100 ㎕를 제조자의 프로토콜에 따라 첨가하였다. 1 M H_2SO_4 100 ㎕를 첨가하여 반응을 정지시켰다. 색 반응을 490 nm에서 파워웨이브엑스(PowerWaveX) 마이크로플레이트 분광측정기(바이오텍 인스트루먼츠 인코포레이티드, 미국 버몬트주 위노오스키 소재) 상에서 490 nm에서 측정하고, 620 nm에서의 배경 흡수를 차감하였다. 도 2에 나타낸 바와 같이, 음성 대조군으로서 사용된 모의-형질감염된 HEK293 세포의 관련없는 상청액과 비교할 때 구축물의 존재는 명백히 검출될 수 있었다.

[0522] 3.2. 1 내지 27 CD3-Fc에 대한 종간 특이성 단일쇄 항체의 결합 분석

[0523] CD3 엡실론에 대한 특이성을 나타내는 원형질막공간으로 발현되는 종간 특이적 단일쇄 항체의 미정제 제제와 1 내지 27 CD3-Fc의 결합을 ELISA 분석에서 시험하였다. 염소 항-인간 IgG, Fc-감마 단편 특이적 항체(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)를 PBS로 5 ㎍/㎖로 희석하고 웰 당 100 ㎕를 사용하여 4℃에서 맥시소르프 96-웰 ELISA 플레이트(넌크 게엠베하 앤드 캄파니 카게, 독일 비에스바덴 소재) 상에 밤새 코팅하였다. 웰을 0.05% 트윈 20을 함유하는 PBS(PBS/트윈)로 세척하고 실온에서 3% BSA(소 알부민, 분획 V, 시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)가 함유된 PBS로 60분 동안 블록킹하였다. 그 후, 웰을 PBS/트윈으로 다시 세척하고, 1 내지 27 CD3-Fc 구축물을 발현하는 세포의 상청액과 함께 실온에서 60분 동안 항온처리하였다. 웰을 PBS/트윈으로 세척하고 전술한 바와 같이 원형질막공간으로 발현되는 종간 특이적 단일쇄 항체의 미정제 제제와 함께 실온에서 60분 동안 항온처리하였다. PBS/트윈으로 세척한 후, 웰을 1% BSA가 함유된 PBS로 1:10000으로 희석된 퍼록시데이즈-접합된 항-플래그 M2 항체(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)와 함께 실온에서 60분 동안 항온처리하였다. 웰을 PBS/트윈으로 세척하고 SIGMAFAST OPD(SIGMAFAST OPD [o-페닐렌다이아민 다이하이드로클로라이드] 기질 용액(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르겐 소재) 100 ㎕와 함께 제조자의 프로토콜에 따라 항온처리하였다. 1 M H_2SO_4 100 ㎕를 사용하여 색 반응을 정지시키고 490 nm에서 파워웨이브엑 마이크로플레이트 분광측정기(바이오텍 인스트루먼츠 인코포레이티드, 미국 버몬트주 위노오스키 소재) 상에서 490 nm에서 측정하고, 620 nm에서의 배경 흡수를 차감하였다. 뮤린 항-CD3 단일쇄 항체와 비교할 때, CD3 엡실론에 대한 특이성을 나타내는 종간 특이적 인간 단일쇄 항체와 1 내지 27 CD3-Fc 구축물의 강한 결합이 관찰되었다(도 3).

[0524] 4. 시아노몰구스로부터 유래된 EpCAM에 융합된, 다양한 비-침팬지 영장류로부터 유래된 CD3 엡실론의 N-말단 아미노산 1-28로 구성된 재조합 경막 융합 단백질(1 내지 27 CD3-EpCAM)의 생성

[0525] 4.1. 1 내지 27 CD3-EpCAM의 클로닝 및 발현

[0526] 다양한 비-침팬지 영장류(마모셋, 타마린, 다람쥐 원숭이) 및 돼지로부터 CD3 엡실론을 단리하였다. 플래그 태그가 부착된 시아노몰구스 EpCAM의 N-말단에 융합된, 성숙 인간, 통상의 마모셋(칼리트릭스 자쿠스), 코튼탑(cottontop) 타마린(사귀너스 오에디퍼스), 통상의 다람쥐 원숭이(사이미리 시우레우스) 및 가축 돼지(수스 스크로파(Sus scrofa); 음성 대조군으로서 사용됨)의 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 코딩 서열을 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 수득하였다. 재조합 융합 단백질의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열 목록 231 내지 240에 기재되어 있다. 유전자 합성 단편은 표적 발현 벡터에 이미 존재하는 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열과 정확한 판독 프레임으로 융합을 허용하는 BsrGI 부위를 먼저 함유하고, 이어서 성숙 CD3 엡실론 쇄의 세포외 부분의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 플래그 태그의 코딩 서열에 이어서 성숙 시아노몰구스 EpCAM 경막 단백질의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다(도 4). 또한, 유전자 합성 단편은 융합 단백질을 코딩하는 cDNA의 말단에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 BsrGI 및 3' 말단에 도입

된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 그 다음, 유전자 합성 단편을 하기 표준 프로토콜에 따라 BsrGI 및 SalI을 통해 pEF-DHFR로 명명된 플라스미드의 유도체(19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열을 이미 함유하고 있음) 내로 클로닝하였다(pEF-DHFR은 문헌(Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025)에 기재되어 있음). 서열 검증된 플라스미드는 제조자의 프로토콜에 따라 175 ㎖ 세포 배양 플라스크 내에서 MATra-A 시약(아이비에이 게엠베하(IBA GmbH), 독일 고팅겐 소재) 및 플라스미드 DNA 12 ㎍(부착된 293-HEK 세포의 경우)을 사용하여 293-HEK 세포를 일시적으로 형질감염시키는 데 사용되었다. 세포 배양 3일 후, 형질감염체를 표준 프로토콜에 따라 FACS 분석을 통해 재조합 경막 단백질의 세포 표면 발현에 대해 시험하였다. 이 목적을 위해, $2.5x10^5$개 세포를 2% FCS가 함유된 PBS 중에 5 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-플래그 M2 항체(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)와 함께 항온처리하였다. 결합된 항체는 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 샘플을 FACScalibur(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다. 시아노몰구스 EpCAM, 및 인간, 마모셋, 타마린, 다람쥐 원숭이 및 돼지 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 구성된 플래그 태그 부착된 재조합 경막 융합 단백질의 발현이 형질감염된 세포 상에서 각각 명확히 검출될 수 있었다(도 5).

[0527] 4.2. 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체와 1 내지 27 CD3-EpCAM의 결합

[0528] 원형질막공간으로 발현되는 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체의 미정제 제제와 시아노몰구스 EpCAM에 각각 융합된 인간, 마모셋, 타마린 및 다람쥐 원숭이 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 결합을 표준 프로토콜에 따라 FACS 분석에서 시험하였다. 이를 위해, $2.5x10^5$개의 세포를 원형질막공간으로 발현되는 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체의 미정제 제제(제조는 전술한 바와 같이 표준 프로토콜에 따라 수행됨) 및 단일쇄 뮤린 항-인간 CD3 항체(음성 대조군)와 함께 항온처리하였다. 이차 항체로서 펜타-His 항체(퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴쉐임 소재)를 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕ 중의 5 ㎍/㎖의 농도로 사용하였다. 항체의 결합은 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 샘플을 FACScalibur(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다. 도 6(a 내지 e)에 나타낸 바와 같이, 시아노몰구스 EpCAM에 융합된 인간, 마모셋, 타마린 또는 다람쥐 원숭이의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 구성된 재조합 경막 융합 단백질을 발현하는 형질감염체와 단일쇄 항체의 결합이 관찰되었다. 음성 대조군으로서 사용된 시아노몰구스 EpCAM에 융합된 돼지의 N-말단 1 내지 27 CD3 엡실론으로 구성된 융합 단백질의 경우 종간 특이적 단일쇄 항체의 결합이 관찰되지 않았다. 항-CD3 단일쇄 항체의 다중-영장류 종간 특이성이 관찰되었다. 항-플래그 M2 항체 및 종간 특이적 단일쇄 항체를 사용하여 수득한 신호는 필적할만하였는데, 이는 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산에 대한 종간 특이적 단일쇄 항체의 강한 결합 활성을 입증한다.

[0529] 5. 인간 CD3 엡실론 쇄 및 이의 알라닌 돌연변이체로 형질감염된 마우스 세포의 알라닌-스캐닝에 의한 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체의 결합 분석

[0530] 5.1. 인간 야생형 CD3 엡실론의 클로닝 및 발현

[0531] 인간 CD3 엡실론 쇄의 코딩 서열을 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 수득하였다(인간 CD3 엡실론 쇄의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 242 및 241에 기재되어 있음). 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고 인간 CD3 엡실론을 코딩하는 cDNA의 시작 및 말단 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 이어서, 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 pEF-NEO로 명명된 플라스미드 내로 클로닝하였다. pEF-NEO는 DHFR의 cDNA를 통상적인 분자 클로닝을 이용하여 네오마이신 내성의 cDNA로 치환시켜 pEF-DHFR(Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025)로부터 유래되었다. 서열 검증된 플라스미드는 37℃, 95% 습도 및 7% CO_2에서 10% FCS, 1% 페니실린/스트렙토마이신, 1% HEPES, 1% 피루베이트 및 1% 비-필수 아미노산(모두 바이오크롬 아게(Biochrom AG), 독일 베르릴 소재)으로 보충된, 안정화된 L-글루타민이 함유된 RPMI에서 배양된 뮤린 T 세포주 EL4(ATCC 번호 TIB-39)를 형질감염시키는 데 사용되었다. 형질감염을 수퍼펙트 형질감염 시약(퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재) 및 플라스미드 DNA 2 ㎍을 사용하여 제조자의 프로토콜에 따라 수행하였다. 24시간 후, 세포를 PBS로 세척하고 선별을 위해 600 ㎍/

㎖의 G418(피에이에이 레이보레이토리스 게엠베하(PAA Laboratories GmbH), 오스트리아 파슈잉 소재)을 함유하는 상기 세포 배양 배지에서 다시 배양하였다. 형질감염으로부터 16 내지 20일 후, 내성 세포의 과도한 생장이 관찰되었다. 추가 7 내지 14일 후, 표준 프로토콜에 따라 FACS 분석을 수행하여 인간 CD3 엡실론의 발현에 대해 세포를 시험하였다. $2.5x10^5$개의 세포를 2% FCS가 함유된 PBS에 5 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-인간 CD3 항체 UCHT-1(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재)과 함께 항온처리하였다. 항체의 결합은 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 샘플을 FACScalibur(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다. 형질감염된 EL4 세포 상에서의 인간 야생형 CD3의 발현은 도 7에 도시되어 있다.

[0532] 5.2. IgG1 항체로서 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체의 클로닝 및 발현

[0533] 종간 특이적 단일쇄 항-CD3 항체의 결합 검출의 개선된 수단을 제공하기 위해, H2C HLP, A2J HLP 및 E2M HLP를 뮤린 IgG1 및 인간 람다 불변 영역을 가진 IgG1 항체로 전환시켰다. IgG 항체 각각의 중쇄 및 경쇄를 코딩하는 cDNA 서열들은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 수득하였다. 특이성 각각에 대한 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 허용하는 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산을 구성된 면역글로불린 리더 펩티드(서열번호 244 및 243)를 함유하고, 이어서 중쇄 불변 영역 각각의 코딩 서열 또는 경쇄 불변 영역 각각의 코딩 서열에 이어서 뮤린 IgG1의 중쇄 불변 영역의 코딩 서열(서열번호 246 및 245) 또는 인간 람다 경쇄 불변 영역의 코딩 서열(서열번호 248 및 247)을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다. 제한 부위는 융합 단백질을 코딩하는 cDNA의 시작 및 말단 부분에 도입되었다. 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 유전자 합성 단편은 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 중쇄 구축물의 경우 pEF-DHFR로 명명된 플라스미드(Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025) 내로 클로닝하고 경쇄 구축물의 경우 pEF-ADA로 명명된 플라스미드(pEF-ADA는 문헌(Raum et al., Cancer Immunol Immunother., 50(3), (2001), 141-50)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 서열 검증된 플라스미드는 제조자의 프로토콜에 따라 프리스타일 293 발현 시스템(인비트로겐 게엠베하, 독일 칼스루호 소재)에서 경쇄 구축물 및 중쇄 구축물 각각을 동시-형질감염시키는 데 사용되었다. 3일 후, 형질감염체의 세포 배양물 상청액을 수거하여 알라닌-스캐닝 실험에 사용하였다.

[0534] 5.3. 알라닌-스캐닝을 위한 인간 CD3 엡실론의 알라닌 돌연변이체의 클로닝 및 발현

[0535] 성숙 인간 CD3 엡실론 쇄의 세포외 도메인의 아미노산 1 내지 27의 아미노산 각각에 대해 인간 CD3 엡실론의 야생형 서열의 1개 코돈이 알라닌을 코딩하는 코돈(GCC)으로 치환되어 있는 인간 CD3 엡실론 쇄를 코딩하는 27종의 cDNA 단편을 유전자 합성으로 수득하였다. 치환된 코돈을 제외하고, cDNA 단편은 상기 인간 야생형 CD3 cDNA 단편과 동일하였다. 전술된 인간 야생형 CD3 cDNA 단편과 비교할 때, 구축물 각각에서 1개의 코돈만이 치환되었다. 제한 부위 EcoRI 및 SalI은 야생형 구축물과 비교할 때 동일한 위치에서 cDNA 단편 내로 도입되었다. 모든 알라닌-스캐닝 구축물들이 pEF-NEO 내로 클로닝되었고, 서열 검증된 플라스미드는 EL4 세포 내로 형질감염되었다. 형질감염체의 형질감염 및 선별은 전술된 바와 같이 수행하였다. 그 결과, 인간 CD3 엡실론 쇄의 제1 아미노산인인 위치 1의 글루타민(Q, Gln)이 알라닌으로 치환된 발현된 구축물의 패널을 수득하였다. 알라닌으로 치환된 마지막 아미노산은 성숙 인간 야생형 CD3 엡실론의 위치 27에 존재하는 트레오닌(T, Thr)이었다. 위치 1의 글루타민과 위치 27의 트레오닌 사이의 아미노산 각각의 경우, 야생형 아미노산이 알라닌으로 치환된 형질감염체가 발생되었다.

[0536] 5.4. 알라닌-스캐닝 실험

[0537] 5.2 단락에 기재된 키메라 IgG 항체 및 CD3 엡실론에 대한 특이성을 나타내는 종간 특이적 단일쇄 항체를 알라닌-스캐닝 실험에서 시험하였다. 5.3 단락에 기재된 인간 CD3 엡실론의 알라닌-돌연변이체 구축물로 형질감염된 EL4 세포주와 항체의 결합을 표준 프로토콜에 따라 FACS 분석으로 시험하였다. 형질감염체 각각의 $2.5x10^5$개 세포를 키메라 IgG 항체를 함유하는 세포 배양물 상청액 50 ㎕ 또는 원형질막공간으로 발현된 단일쇄 항체의 미정제 제제 50 ㎕와 함께 항온처리하였다. 원형질막공간으로 발현된 단일쇄 항체의 미정제 제제와 함께 항온처리된 샘플의 경우, 항-플래그 M2 항체(시그마--알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)를 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕ 중의 5 ㎍/㎖의 농도로 이차 항체로서 사용하였다. 키메라 IgG 항체와 함께 항온처리된 샘플의 경우, 이차 항체는 필요하지 않았다. 모든 샘플의 경우, 항체 분자의 결합은 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)

(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 샘플을 FACScalibur(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다. 인간 CD3 엡실론의 알라닌-돌연변이체로 형질감염된 EL4 세포주와 키메라 IgG 분자 또는 종간 특이적 단일쇄 항체의 차등 결합이 검출되었다. 동형 대조군 또는 관련없는 특이성을 나타내는 원형질막공간으로 발현된 단일쇄 항체의 미정제 제제를 음성 대조군으로서 사용하였다. UCHT-1 항체는 인간 CD3 엡실론의 알라닌-돌연변이체의 발현 수준을 위한 양성 대조군으로서 사용되었다. 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 13의 아미노산 티로신, 위치 17의 아미노산 발린, 위치 19의 아미노산 이소류신, 위치 24의 아미노산 발린 또는 위치 26의 아미노산 류신에 대한 알라닌-돌연변이체로 형질감염된 EL4 세포주는 매우 낮은 발현 수준으로 인해 평가되지 않았다(데이터는 도시되지 않음). 인간 CD3 엡실론의 알라닌-돌연변이체로 형질감염된 EL4 세포주와 종간 특이적 단일쇄 항체 및 키메라 IgG 포맷의 단일쇄 항체의 결합은 모든 기하 평균 형광 샘플 값으로부터 차감된 음성 대조군의 기하 평균 형광 값을 사용하여 임의의 단위로 표시된 상대적 결합도로서 도 8(a 내지 d)에 도시되어 있다. 차등 발현 수준을 보충하기 위해, 특정 형질감염체에 대한 모든 샘플 값을 형질감염체 각각에 대한 UCHT-1 항체의 기하 평균 형광 값으로 나누었다. 야생형 샘플의 특이성 값과 비교하기 위해, 모든 샘플의 특이성 값을 야생형 샘플의 값으로 최종적으로 나눔으로써 야생형 샘플 값을 결합의 임의 단위 1로 셋팅하였다. 이용된 계산은 하기 수학식에 상세히 기재되어 있다:

[0538]
$$\text{값\_샘플}(x,y)=\frac{\text{샘플}(x,y)-\text{음성 대조군}(x)}{(UCHT-1(x)-\text{음성 대조군}(x))*\frac{\text{야생형}(y)-\text{음성 대조군(야생형)}}{UCHT-1(\text{야생형})-\text{음성 대조군(야생형)}}}$$

[0539] 상기 식에서, 값_샘플은 도 8(a 내지 d)에 나타낸 바와 같은 특정 알라닌-돌연변이체에 대한 특정 항-CD3 항체의 결합 정도를 나타내는 결합의 임의 단위로 표시된 값을 의미하고, 샘플은 특정 알라닌-스캐닝 형질감염체에 대해 수행된 특정 항-CD3 항체에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, neg_Contr.은 특정 알라닌-돌연변이체에 대해 분석된 음성 대조군에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, UCHT-1은 특정 알라닌-돌연변이체에 대해 분석된 UCHT-1 항체에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, WT는 야생형 형질감염체에 대해 분석된 특정 항-CD3 항체에 대해 수득된 기하 평균 형광도 값을 의미하고, x는 형질감염체 각각을 특정하고, y는 항-CD3 항체 각각을 특정하고, wt는 형질감염체 각각이 야생형임을 특정한다.

[0540] 도 8(a 내지 d)에서 알 수 있는 바와 같이, IgG 항체 A2J HLP는 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 4의 아미노산 아스파라긴, 위치 23의 아미노산 트레오닌 및 위치 25의 아미노산 이소류신에 대한 현저한 결합 상실을 보였다. IgG 항체 A2J HLP의 완전한 결합 상실은 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 1의 아미노산 글루타민, 위치 2의 아미노산 아스파르테이트, 위치 3의 아미노산 글리신 및 위치 5의 아미노산 글루타메이트에 대해 관찰되었다. IgG 항체 E2M HLP는 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 4의 아미노산 아스파라긴, 위치 23의 아미노산 트레오닌 및 위치 25의 아미노산 이소류신에 대한 현저한 결합 상실을 보였다. IgG 항체 E2M HLP는 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 1의 아미노산 글루타민, 위치 2의 아미노산 아스파테이트, 위치 3의 아미노산 글리신 및 위치 5의 아미노산 글루타메이트에 대한 완전한 결합 상실을 보였다. IgG 항체 H2C HLP는 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 4의 아미노산 아스파라긴에 대한 중등도의 결합 상실을 보였고 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 1의 아미노산 글루타민, 위치 2의 아미노산 아스파테이트, 위치 3의 아미노산 글리신 및 위치 5의 아미노산 글루타메이트에 대한 완전한 결합 상실을 보였다. 단일쇄 항체 F12Q HLP는 성숙 CD3 엡실론 쇄의 위치 1의 아미노산 글루타민, 위치 2의 아미노산 아스파테이트, 위치 3의 아미노산 글리신 및 위치 5의 아미노산 글루타메이트에 대한 본질적으로 완전한 결합 상실을 보였다.

[0541] 6. 뮤린 T 세포주 EL4로 형질감염된, N-말단 His6 태그를 갖거나 갖지 않는 인간 CD3 엡실론 쇄에 대한 종간 특이적 항-CD3 결합 분자 H2C HLP의 결합 분석

[0542] 6.1. N-말단 6개 히스티딘 태그(His6 태그)를 갖는 인간 CD3 엡실론 쇄의 클로닝 및 발현

[0543] N-말단 His6 태그를 갖는 인간 CD3 엡실론 쇄를 코딩하는 cDNA 단편을 유전자 합성으로 수득하였다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 His6 태그의 코딩 서열 및 성숙 인간 CD3 엡실론 쇄의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열 목록 256 및 255에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 cDNA의 시작 및 말단 부위에 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 이어서, 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 pEF-NEO(전술된 바와 같음)로 명명된 플라스미드 내로 클로닝하였다. 서열 검증된 플라스미드는 뮤린 T 세포주 EL4를 형질

감염시키는 데 사용되었다. 형질감염체의 형질감염 및 선별은 전술된 바와 같이 수행되었다. 세포 배양 34일 후, 형질감염체를 하기 분석에 사용하였다.

[0544] 6.2. N-말단 His6 태그를 갖거나 갖지 않는 인간 CD3 엡실론 쇄에 대한 종간 특이적 항-CD3 결합 분자 H2C HLP의 결합

[0545] CD3 엡실론에 대한 특이성을 나타내는 결합 특이성 H2C HLP를 가진 키메라 IgG 항체를 N-말단 His6 태그를 갖거나 갖지 않는 인간 CD3 엡실론과의 결합에 대해 시험하였다. His6-인간 CD3 엡실론 및 야생형 인간 CD3 엡실론 각각으로 형질감염된 EL4 세포주와 항체의 결합을 표준 프로토콜에 따라 FACS 분석으로 시험하였다. $2.5x10^5$개 세포의 형질감염체를 키메라 IgG 항체를 함유하는 세포 배양물 상청액 50 ㎕ 또는 2% FCS가 함유된 PBS 중의 대조군 항체 50 ㎕와 함께 항온처리하였다. 음성 대조군으로서 적절한 동형 대조군을 사용하고 구축물의 발현을 위한 양성 대조군으로서 CD3 특이적 항체 UCHT-1을 사용하였다. 항체의 결합은 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 샘플을 FACScalibur(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다. 야생형 인간 CD3 엡실론으로 형질감염된 EL4 세포주와 비교할 때, 결합 특이성 H2C HLP를 갖는 키메라 IgG와 N-말단 His6 태그를 갖는 인간 CD3 엡실론 사이의 명백한 결합 상실이 검출되었다. 이 결과는 CD3 엡실론의 자유 N-말단이 종간 특이적 항-CD3 결합 특이성 H2C HLP와 인간 CD3 엡실론 쇄의 결합에 필수적임을 보여주었다(도 9).

[0546] 7. 인간 MCSP의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인의 클로닝 및 발현

[0547] 인간 MCSP의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인의 코딩 서열(아미노산 1538 내지 2322)을 표준 프로토콜에 따라 유전자 합성으로 수득하였다(인간 MCSP의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인(인간 D3으로서 명명됨)의 발현을 위한 재조합 구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 250 및 249에 기재되어 있음). 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 허용하는 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열을 함유하고, 이어서 플래그 태그를 인 프레임으로 함유하고, 이어서 클로닝 목적을 위한 여러 제한 부위를 함유하는 서열하고 9개 아미노산 인공 링커(SRTRSGSQL)를 코딩하는 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 인간 MCSP 및 정지 코돈의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다. 제한 부위를 DNA 단편의 시작 및 말단 부위에 도입하였다. 상기 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 단편을 EcoRI 및 SalI로 절단하고 표준 프로토콜에 따라 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 서열 검증된 플라스미드를 사용하여 CHO/DHRF-결여 세포(ATCC 번호 CRL-9096)를 형질감염시켰다. 세포는, 37℃, 95% 습도 및 7% CO_2 하에 항온처리기 내에서 안정화된 글루타민을 함유하고 10% FCS 및 1% 페니실린/스트렙토마이신(모두 바이오크롬 아게, 독일 베를린 소재)으로 보충되고 세포 배양물 등급 시약(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)의 저장 용액으로부터 유래된 뉴클레오시드를 최종 농도가 10 ㎍/㎖ 아데노신, 10 ㎍/㎖ 데옥시아데노신 및 10 ㎍/㎖ 티미딘이 되도록 함유하는 RPMI 1640에서 배양하였다. 형질감염은 폴리펙트(PolyFect) 형질감염 시약(퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재) 및 플라스미드 DNA 5 ㎍을 사용하여 제조자의 프로토콜에 따라 수행하였다. 24시간 동안 배양한 후, 세포를 PBS로 1회 세척하고, 안정화된 글루타민 1% 페니실린/스트렙토마이신이 함유된 RPMI 1640에서 다시 배양하였다. 따라서, 세포 배양 배지는 뉴클레오시드를 함유하지 않으므로 형질감염된 세포에 대한 선별이 이루어졌다. 형질감염으로부터 약 14일 후, 내성 세포의 과도한 생장이 관찰되었다. 추가 7 내지 14일 후, 형질감염체를 FACS 분석으로 재조합 구축물의 발현에 대해 시험하였다. $2.5x10^5$개 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 5 ㎍/㎖의 농도까지 희석된 항-플래그-M2 항체(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재) 50 ㎕와 함께 항온처리하였다. 항체의 결합은 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 샘플을 FACScalibur(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[0548] 8. 짧은꼬리 원숭이 MCSP의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인의 클로닝 및 발현

[0549] 짧은꼬리 원숭이 MCSP(짧은꼬리 원숭이 D3으로 명명됨)의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인의 cDNA 서열은 하기 반응 조건을 이용하여 짧은꼬리 원숭이 피부 cDNA(카달로그 번호 C1534218-Cy-BC; 바이오캣 게엠베하, 독일 하이델베르그 소재)를 3회 PCR하여 수득하였다: 94℃에서 3분, 1주기; 94℃에서 0.5분, 52℃에서 0.5분, 및 72

℃에서 1.75분, 40주기; 및 72℃에서 3분, 마지막 주기. 하기 프라이머를 사용하였다:

[0550] 전방향 프라이머: 5'-GATCTGGTCTACACCATCGAGC-3'(서열번호 361)

[0551] 역방향 프라이머: 5'-GGAGCTGCTGCTGGCTCAGTGAGG-3'(서열번호 362)

[0552] 전방향 프라이머: 5'- TTCCAGCTGAGCATGTCTGATGG-3'(서열번호 363)

[0553] 역방향 프라이머: 5'- CGATCAGCATCTGGGCCCAGG-3'(서열번호 364)

[0554] 전방향 프라이머: 5'- GTGGAGCAGTTCACTCAGCAGGACC-3'(서열번호 365)

[0555] 역방향 프라이머: 5'- GCCTTCACACCCAGTACTGGCC-3' (서열번호 366)

[0556] 상기 PCR은 3개의 중첩되는 단편(A: 1-1329, B: 1229-2428, C: 1782-2547)을 생성하였고, 상기 단편을 PCR 프라이머를 사용하여 표준 프로토콜에 따라 단리하고 서열분석하여, C-말단 도메인의 코딩 서열의 업스트림의 74 bp 부터 정지 코돈의 다운스트림의 121 bp에 이르는 짧은꼬리 원숭이 MCSP의 cDNA 서열의 2547 bp 부분을 제공하였다(짧은꼬리 원숭이 MCSP의 이 부분의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 252 및 251에 기재되어 있음). 하기 반응 조건을 이용하는 또 다른 PCR을 이용하여 상기 반응 A 및 B의 PCR 생성물을 융합시켰다: 94℃에서 3분, 1주기; 94℃에서 1분; 52℃에서 1분 및 72℃에서 2.5분, 10주기; 및 72℃에서 3분, 마지막 주기. 하기 프라이머가 사용되었다: 전방향 프라이머: 5'-tcccgtacgagatctggatcccaattggatggcggactcgtgctgttctcacacagagg-3' (서열번호 367), 및 역방향 프라이머: 5'-agtgggtcgactcacacccagtactggccattcttaagggcaggg-3'(서열번호 368)

[0557] 이 PCR에 대한 프라이머는 짧은꼬리 원숭이 MCSP의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인을 코딩하는 cDNA 단편의 시작 및 말단 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 MfeI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 이어서, 인간 MCSP의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인을 치환시킴으로써 상기 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음)의 EcoRI/MfeI 단편을 함유하는 블루스크립트 플라스미드 내로 MfeI 및 SalI을 통해 PCR 단편을 클로닝하였다. 이 유전자 합성 단편은 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열 및 플래그 태그뿐만 아니라 인공 링커(SRTRSGSQL)를 짧은꼬리 원숭이 MCSP의 C-말단 절단된 경막 세포외 도메인을 코딩하는 cDNA 단편의 5' 말단에 인 프레임으로 함유하였다. 이 벡터를 사용하여 CHO/DHRF-결여 세포(ATCC 번호 CRL-9096)를 형질감염시켰다. 세포는, 37℃, 95% 습도 및 7% CO_2 하에 항온처리기 내에서 안정화된 글루타민을 함유하고 10% FCS 및 1% 페니실린/스트렙토마이신(모두 바이오크롬 아게, 독일 베를린 소재)으로 보충되고 세포 배양물 등급 시약(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)의 저장 용액으로부터 유래된 뉴클레오시드를 최종 농도가 10 ㎍/㎖ 아데노신, 10 ㎍/㎖ 데옥시아데노신 및 10 ㎍/㎖ 티미딘이 되도록 함유하는 RPMI 1640에서 배양하였다. 형질감염은 폴리펙트 형질감염 시약(퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재) 및 플라스미드 DNA 5 ㎍을 사용하여 제조자의 프로토콜에 따라 수행하였다. 24시간 동안 배양한 후, 세포를 PBS로 1회 세척하고, 안정화된 글루타민 1% 페니실린/스트렙토마이신이 함유된 RPMI 1640에서 다시 배양하였다. 따라서, 세포 배양 배지는 뉴클레오시드를 함유하지 않으므로 형질감염된 세포에 대한 선별이 이루어졌다. 형질감염으로부터 약 14일 후, 내성 세포의 과도한 생장이 관찰되었다. 추가 7 내지 14일 후, 형질감염체를 FACS 분석으로 재조합 구축물의 발현에 대해 시험하였다. $2.5x10^5$개 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 5 ㎍/㎖의 농도까지 희석된 항-플래그-M2 항체(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재) 50 ㎕와 함께 항온처리하였다. 결합된 항체는 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 샘플을 FACScalibur(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[0558] 9. MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 특징규명

[0559] 인간 CD3 엡실론 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이성을 나타내는 결합 도메인뿐만 아니라 인간 MCSP 및 비-침팬지 영장류 MCSP에 대한 종간 특이성을 나타내는 결합 도메인을 각각 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체는 하기 표 1에 기재된 바와 같이 디자인된다:

[0560] [표 1]

MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체의 포맷

서열번호 (핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
190/189	MCSP-G4 HL x H2C HL
192/191	MCSP-G4 HL x F12Q HL
194/193	MCSP-G4 HL x I2C HL
196/195	MCSP-G4 HLP x F6A HLP
198/197	MCSP-G4 HLP x H2C HLP
202/201	MCSP-G4 HLP x G4H HLP
206/205	MCSP-G4 HLP x E1L HLP
208/207	MCSP-G4 HLP x E2M HLP
212/211	MCSP-G4 HLP x F12Q HL
214/213	MCSP-G4 HLP x I2C HL
216/215	MCSP-D2 HL x H2C HL
218/217	MCSP-D2 HL x F12Q HL
220/219	MCSP-D2 HL x I2C HL
222/221	MCSP-D2 HLP x H2C HLP
224/223	MCSP-F9 HL x H2C HL
226/225	MCSP-F9 HLP x H2C HLP
228/227	MCSP-F9 HLP x G4H HLP
318/317	MCSP-A9 HL x H2C HL
320/319	MCSP-A9 HL x F12Q HL
322/321	MCSP-A9 HL x I2C HL
324/323	MCSP-C8 HL x I2C HL
328/327	MCSP-B7 HL x I2C HL
326/325	MCSP-B8 HL x I2C HL
330/329	MCSP-G8 HL x I2C HL
332/331	MCSP-D5 HL x I2C HL
334/333	MCSP-F7 HL x I2C HL
336/335	MCSP-G5 HL x I2C HL
338/337	MCSP-F8 HL x I2C HL
340/339	MCSP-G10 HL x I2C HL

[0561]

[0562] 인간 MCSP D3 및 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3에 대한 종간 특이성을 나타내는 가변 중쇄(VH) 및 가변 경쇄(VL) 도메인, 및 인간 CD3 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 VH 및 VL 도메인을 포함하는 상기 구축물은 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드를 함유하고, 이어서 이중특이적 단일 쇄 항체 분자 각각의 코딩 서열에 이어서 His6 태그의 코딩 서열 및 정지 코돈을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다. 또한, 유전자 합성 단편은 적절한 N-말단 제한 부위 및 C-말단 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 유전자 합성 단편은 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 상기 제한 부위들을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝되었다.

[0563] 구축물은 전기천공에 의해 DHFR-결여 CHO 세포(ATCC 번호 CRL-9096) 내로 안정하게 또는 일시적으로 형질감염되거나, 또는 표준 프로토콜에 따라 일시적인 방식으로 HEK293(인간 배아 신장 세포, ATCC 번호 CRL-1573) 내로 형질감염되었다.

[0564] DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-566)에 기재된 바와 같이 수행되었다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시키면서 MTX를 첨가함으로써 유도하였다. 2회 계대의 정지상(stationary) 배양 후, 세포를 수거 전 7일 동안 뉴클레오시드-무함유 HyQ PF CHO 액체 대두 배지(0.1% 플루로닉(Pluronic) F-68과 함께 4.0 mM L-글루타민이 함유됨; 하이클론)가 함유된 롤러 병 내에서 생장시켰다. 세포를 원심분리하여 제거하고, 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 -20℃에 저장하였다.

[0565] 악타(Akta)(등록상표) 익스플로러 시스템(지이 헬쓰 시스템스) 및 유니콘(Unicorn)(등록상표) 소프트웨어를 크로마토그래피에 이용하였다. 제조자에 의해 제공된 프로토콜에 따라 $ZnCl_2$로 적재된 프락톡겔 EMD 킬레이트(등록상표)(머크)를 사용하여 고정된 금속 친화성 크로마토그래피("IMAC")를 수행하였다. 컬럼을 완충제 A(20 mM 인산나트륨 완충제 pH 7.2, 0.1 M NaCl)로 평형화시키고, 세포 배양물 상청액(500 ㎖)을 3 ㎖/분의 유속으로 상기 컬럼(10 ㎖)에 인가하였다. 상기 컬럼을 완충제 A로 세척하여 비-결합된 샘플을 제거하였다. 결합된 단백질은 하기 단계에 따라 완충제 B(20 mM 인산나트륨 완충제(pH 7.2), 0.1 M NaCl, 0.5 M 이미다졸)의 2 단계 구배를 이용하여 용출하였다:

[0566] 단계 1: 6 컬럼 부피의 20% 완충제 B

[0567] 단계 2: 6 컬럼 부피의 100% 완충제 B

[0568] 단계 2로부터 회수된 단백질 분획을 추가 정제를 위해 풀링하였다. 모든 화학물질은 연구 등급이고 시그마(데이센호펜 소재) 또는 머크(담스타츠 소재)로부터 구입되었다.

[0569] 평형-완충제(25 mM 시트레이트, 200 mM 라이신, 5% 글리세롤, pH 7.2)로 평형화된 하이로드 16/20 수퍼덱스 200 프렙 등급 컬럼(지이/아머샴) 상에서 겔 여과 크로마토그래피를 수행하였다. 용출된 단백질 샘플(유속 1 ㎖/분)에 대해 검출을 위한 표준 SDS-PAGE 및 웨스턴 블롯을 수행하였다. 정제 전, 분자량 측정(분자량 마커 키트, 시그마 MW GF-200)을 위해 컬럼을 보정하였다. 단백질 농도는 OD280 nM를 이용하여 측정하였다.

[0570] 정제된 이중특이적 단일쇄 항체 단백질을, 프리-캐스트 4 내지 12% 비스 트라이스 겔(인비트로겐)을 사용하여 수행된 환원 조건 하의 SDS-PAGE에서 분석하였다. 샘플 준비 및 인가는 제조자에 의해 제공된 프로토콜에 따라 수행하였다. 분자량은 멀티마크 단백질 표준물(인비트로겐)을 사용하여 측정하였다. 겔은 콜로이드 코마시에(인비틀로겐 프로토콜)로 염색하였다. 단리된 단백질의 순도는 SDS-PAGE에 의한 측정 시 95%를 초과하였다.

[0571] 이중특이적 단일쇄 항체의 분자량은 PBS에서의 겔 여과에 의한 측정 시 천연 조건 하에 약 52 kDa이다. 모든 구축물을 이 방법에 따라 정제하였다.

[0572] 제조자에 의해 제공된 프로토콜에 따라 옵티트란(등록상표) BA-S83 막 및 인비트로겐 블롯 모듈을 사용하여 웨스턴 블롯을 수행하였다. 이중특이적 단일쇄 항체 단백질 항체의 검출을 위해, 항-His 태그 항체(퀜타 His, 퀴아젠)를 사용하였다. 알칼리성 포스파타제(AP)(시그마)로 표지된 염소-항-마우스 Ig 항체를 이차 항체로서 사용하였고 BCIP/NBT(시그마)를 기질로서 사용하였다. 정제된 이중특이적 단일쇄 항체에 상응하는 52 kD에서 단일 밴드가 검출되었다.

[0573] 별법으로, 구축물을 DHFR-결여 CHO 세포에서 일시적으로 발현시켰다. 요약하건대, 형질감염 1일 전에, 구축물 당 $4x10^5$개 세포를, 7℃, 95% 습도 및 7% CO_2 하에 항온처리기 내에서 안정화된 글루타민을 함유하고 10% FCS 및 1% 페니실린/스트렙토마이신(모두 바이오크롬 아게, 독일 베를린 소재)으로 보충되고 세포 배양물 등급 시약(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재)의 저장 용액으로부터 유래된 뉴클레오시드를 최종 농도가 10 ㎍/㎖ 아데노신, 10 ㎍/㎖ 데옥시아데노신 및 10 ㎍/㎖ 티미딘이 되도록 함유하는 RPMI 1640 배지 3 ㎖에서 배양하였다. 형질감염은 제조자의 프로토콜에 따라 퓨젠(Fugene) 6 형질감염 시약(로슈, # 11815091001)을 사용하여 수행하였다. 94 ㎕의 옵티멤(OptiMEM) 배지(인비트로겐)와 6 ㎕의 퓨젠 6을 혼합하고 실온에서 5분 동안 항온처리하였다. 이어서, 구축물 당 1.5 ㎍ DNA를 첨가하고, 혼합하고 실온에서 15분 동안 항온처리하였다. 한편, DHFR-결여 CHO 세포를 1x PBS로 세척하고 RPMI 1640 배지 1.5 ㎖에 재현탁시켰다. 형질감염 혼합물을 RPMI 1640 배지 600 ㎕로 희석하고 세포에 첨가하고 37℃, 95% 습도 및 7% CO_2 하에 밤새 항온처리하였다. 형질감염 다음날, 상기 방법들 각각의 항온처리 부피를 RPMI 1640 배지 5 ㎖까지 증가시켰다. 3일 동안의 항온처리 후 상청액을 수거하였다.

[0574] 10. MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포 결합 분석

[0575] 인간 MCSP D3 및 CD3, 및 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3 및 CD3에 결합하는 능력에 대해 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, FACS 분석을 수행하였다. 이를 위해, 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO 세포(실시예 7에 기재되어 있음) 및 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483)를 사용하여 인간 항원과의 결합을 시험하였다. 짧은꼬리 원숭이 항원에 대한 결합 반응성은 생성된 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3 형질감염체(실시예 8에 기재되어 있음) 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx(피켄쉐르(Fickenscher) 교수(Hygiene Institute, Virology, Erlangen-Nuernberg)에 의해 제공됨; 문헌(Knappe A, et

al., and Fickenscher H., Blood 2000, 95, 3256-61)에 기재되어 있음)를 사용하여 시험하였다. 200,000개 세포의 세포주 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 정제된 단백질(2 ㎍/㎖) 또는 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액 50 ㎕와 함께 30분 동안 항온처리하였다. 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 뮤린 항-His 항체(펜타 His 항체; 퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 비-형질감염된 CHO 세포의 상청액을 T 세포주에의 결합에 대한 음성 대조군으로서 사용하였다. 관련 없는 표적 특이성을 나타내는 단일쇄 구축물을 MCSP-D3으로 형질감염된 CHO 세포에의 결합에 대한 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0576] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트(CellQuest) 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0577] MCSP D3에 대한 종간 특이성 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 10, 11, 12 및 39에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물들이 음성 대조군과 비교할 때 CD3 및 MCSP D3과의 결합을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[0578] 11. MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[0579] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, 실시예 7 및 8에 기재된 MCSP D3 양성 세포주를 사용하여 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출을 통해 분석하였다. 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC, 자극된 인간 PBMC 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 도면 각각에 표시된 바와 같이 이펙터 세포로서 사용하였다.

[0580] 자극된 CD4/CD56-고갈된 PBMC의 생성은 다음과 같이 수행하였다: 페트리 디쉬(145 mm 직경, 그레이너 바이오-온게엠베하, 독일 크렘스문스터 소재)의 코팅을 최종 농도 1 ㎍/㎖의 상업적으로 입수가능한 항-CD3 특이적 항체(예를 들어, OKT3, 오토클론)을 사용하여 37℃에서 1시간 동안 수행하였다. 비-결합된 단백질은 PBS를 사용한 1회 세척 단계로 제거하였다. 표준 프로토콜에 따른 피콜 구배 원심분리를 이용하여 말초혈(30 내지 50 ㎖ 인간 혈액)로부터 새로운 PBMC를 단리하였다. $3x10^7$ 내지 $5x10^7$개의 PBMC를 안정화된 글루타민/10% FCS/IL-2 20 U/㎖(프로류킨, 키론)가 함유된 RPMI 1640 배지 120 ㎖가 함유된 예비코팅된 페트리 디쉬에 첨가하고 2일 동안 자극하였다. 3일째 날, 세포를 수거하여 RPMI 1640으로 1회 세척하였다. IL-2를 20 U/㎖의 최종 농도로 첨가하고, 세포를 전술한 배지와 동일한 세포 배양 배지에서 1일 동안 다시 배양하였다. 표준 프로토콜에 따라 CD4+ T 세포 및 CD56+ NK 세포를 고갈시켜 CD8+ 세포독성 T 림프구(CTL)를 풍부하게 만들었다.

[0581] 표적 세포를 PBS로 2회 세척하고 50% FCS가 함유된 RPMI 100 ㎕(최종 부피) 중의 11.1 MBq ^{51}Cr을 사용하여 37℃에서 45분 동안 표지하였다. 이어서, 표지된 표적 세포를 RPMI 5 ㎖로 3회 세척한 후, 세포독성 분석에서 사용하였다. 상기 분석은 E:T 비가 10:1인 보충된 RPMI 250 ㎕(전술된 바와 같음)(최종 부피)가 함유된 96웰 플레이트에서 수행하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자 1 ㎍/㎖ 및 이의 20배 희석물을 첨가하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 함유하는 상청액을 사용하는 경우, 상기 상청액의 2 내지 20배 희석물 21개를 짧은고리 원숭이 및 인간 세포독성 분석에서 사용하였다. 분석 시간은 18시간이고, 세포독성은 최대 용해(트라이톤-X의 첨가)와 자연발생적 용해(이펙터 세포의 부재)의 차이와 관련된 상청액 중의 방출된 크롬의 상대적 값으로서 측정되었다. 모든 측정은 4회 반복하여 수행하였다. 상청액 중의 크롬 활성의 측정은 위자드 3" 감마 카운터(퍼킨 엘머 라이프 사이언시스 게엠베하, 독일 퀼른 소재)를 이용하여 수행하였다. 실험 데이터의 분석은 윈도우의 경우 프리즘 4(버전 4.02, 그래프패드 소프트웨어 인코포레이티드, 미국 캘리포니아주 샌 디에고 소재)를 이용하여 수행하였다. S자형 투여 반응 곡선의 R^2 값은 전형적으로 상기 소프트웨어에 의한 측정 시 0.90을 초과하였다. 분석 프로그램에 의해 계산된 EC_{50} 값은 생체활성의 비교에 사용되었다.

[0582] 도 13 내지 17 및 40에 나타낸 바와 같이, 모든 생성된 종간 특이적 단일쇄 항체 구축물은 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC 또는 자극된 PBMC에 의해 유도된 인간 MCSP D3 양성 표적 세포, 및 짧은꼬리 T 세포주 4119LnPx에 의해 유도된 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3 양성 표적 세포에 대한 세포독성 활성을 나타낸다.

[0583] 12. MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 혈장 안정성

[0584] 인간 혈장에서 상기 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 안정성은, 50% 인간 혈장 중의 이중특이적 단일쇄 항체를 37℃ 및 4℃에서 24시간 동안 항온처리한 후 생체활성을 시험하여 분석하였다. MCSP 양성 CHO 세포(실시예 14 또는 15에 따라 클로닝된 MCSP를 발현함)를 표적 세포로서 사용하고 자극된 인간 CD8 양성 T 세포를 이펙터 세포로서 사용하여 ^{51}Cr 방출 시험관내 세포독성 분석에서 생체활성을 연구하였다.

[0585] 전술된 바와 같은 분석 프로그램에 의해 계산된 EC_{50} 값은 37℃ 및 4℃에서 50% 인간 혈장과 함께 24시간 동안 항온처리된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, 혈장이 첨가되지 않거나 분석 직전 동일한 양의 혈장과 혼합된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성과 비교하는 데 사용되었다.

[0586] 도 18 및 표 2에 나타낸 바와 같이, G4 H-L x I2C H-L, G4 H-L x H2C H-L 및 G4 H-L x F12Q H-L 이중특이적 항체의 생체활성은 혈장이 첨가되지 않거나 생체활성의 시험 직전 혈장이 첨가된 대조군에 유의하게 감소되지 않았다.

[0587] [표 2]

혈장이 첨가된 조건 또는 첨가되지 않은 조건 하에서의 이중특이적 항체의 생체활성

구축물	혈장의 부재	혈장의 존재	혈장 37°C	혈장 4°C
G4 H-L x I2C H-L	300	796	902	867
G4 H-L x H2C H-L	496	575	2363	1449
G4 H-L x F12Q H-L	493	358	1521	1040

[0588]

[0589] 13. 보편적인, 즉 환경-의존적인 CD3 에피토프에 대해 유도된 CD3 결합 분자에의 처음 노출에 의한, 순환하는 표적 세포의 부재 하의 순환하는 T 세포의 재분포는 치료의 개시와 관련된 부작용에 대한 주요 위험 인자이다.

[0590] 보편적인 CD3 결합 분자를 사용한 치료의 개시 후 B 세포 비-호지킨 림프종(B-NHL) 환자에서 T 세포 재분포

[0591] 보편적인 CD19xCD3 결합 분자는 이중특이적 탠덤(tandem) scFv 포맷의 CD3 결합 분자이다(Loffler (2000, Blood, Volume 95, Number 6) 또는 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호). 상기 결합 분자는 (i) 정상 인간 B 세포 및 악성 인간 B 세포의 표면 상의 CD19 및 (ii) 인간 T 세포 상의 CD3에 대해 유도된 2개의 상이한 결합 부분으로 구성된다. 이 구축물은 T 세포 상의 CD3과 B 세포 상의 CD19를 가교결합시킴으로써 T 세포의 세포독성에 의한 정상 B 세포 및 악성 B 세포의 재유도된 용해를 유발한다. 이러한 보편적인 CD3 결합 분자에 의해 인식되는 CD3 에피토프는 CD3 엡실론 쇄 상에 위치하고, 이때 상기 CD3 에피토프는 엡실론 쇄의 나머지 부분 내에 파묻혀 엡실론 쇄와 CD3 감마 쇄 또는 델타 쇄의 이종이량체화에 의해 정확한 위치에 존재하는 경우에만 정확한 입체구조를 갖게 된다. 이와 같은 환경-의존성이 높은 에피토프와 보편적인 CD3 결합 분자(예를 들어, 문헌(Loffler (2000, Blood, Volume 95, Number 6)) 또는 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호 참조)의 상호작용은 심지어 상기 상호작용이 순수한 일가 방식으로 임의의 가교결합 없이 일어나는 경우에조차도 CD3 엡실론의 세포질 도메인 내의 다른 감춰진 프롤린-풍부 영역의 노출을 초래하는 CD3 입체구조의 알로스테릭 변화를 유도할 수 있다. 상기 프롤린-풍부 영역은 일단 노출되면 추가 세포내 신호를 유발할 수 있는 신호 전달도입 부낫 Nck2를 동원할 수 있다. 이것은 예를 들어, B 세포의 표면 상의 여러 CD19 분자에 의한 T 세포 상의 여러 CD3 분자에 결합된 여러 항-CD3 분자의 가교결합에 의한 T 세포 상의 여러 CD3 분자의 가교 결합을 명확히 요구하는 완전한 T 세포 활성화에 충분하지 않지만, 보편적인 CD3 결합 분자와 CD3 엡실론 상의 환경-의존적인 에피토프의 순수한 일가 상호작용은 신호전달 면에서 T 세포에 대해 여전히 불활성을 나타내지 않는다. 이론에 구속받고자 하는 것은 아니지만, 일편적인 일가 CD3 결합 분자(당분야에 공지되어 있음)는 순환 표적 세포가 CD3 가교결합에 이용될 수 없는 경우에조차도 인간 내로 관주되는 경우 일부 T 세포 반응을 유도할 수 있다. 순환하는 CD19 양성 B 세포를 본질적으로 갖지 않는 B-NHL 환자 내로 보편적인 일가 CD10xCD3 결합 분자의 정맥내 관주에 대한 중요한 T 세포 반응은 치료 개시 후 T 세포의 재분포이다. 이 T 세포 반응은 CD19xCD3 결합 분자 투여량과 본질적으로 무관하게 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포 없이 모든 개체에서 정맥내 CD19xCD3 결합 분자 관주의 개시기 동안 일어남이 임상 I 기 시험에서 발견되었다(도 19). 그러나, CD19xCD3 결합 분자 노출의 급격한 증가는 이 환자들에서 치료 개시기에서 CD19xCD3 결합 분자에 대한 T 세포의 초기 노출과 사실상 동일한 재분포

T 세포 반응을 유발함이 발견되었고(도 20a), 심지어 CD19xCD3 결합 분자 노출의 점진적인 증가가 여전히 순환하는 T 세포에 대한 재분포 효과를 나타낼 수 있다(도 21). 뿐만 아니라, 모든 치료받은 개체의 100%에서 보편적인 CD3 결합 분자, 예컨대, CD19xCD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 개시되어 있음)에 의해 유발되는 순환하는 표적 세포의 부재 하에 이와 같은 본질적으로 투여량-독립적인 재분포 T 세포 반응이 치료 개시와 관련된 부작용에 대한 주요 위험 인자임이 발견되었다.

[0592] 연구 프로토콜에 따르면, 외피 세포 림프종을 포함하는, 조직학적으로 확인된 재발된 병든 B-NHL을 앓는 환자는 개방 표지 멀티-센터 I 기 환자가 투여량 상승 시험에 동원되었다. 연구 프로토콜은 모든 참가 센터의 독립적인 윤리 위원회에 의해 승인되었고 담당 규제 관청에 통보를 하였다.

[0593] CT 스캔에 의해 문서화된 측정가능한 질환(1.5 cm 이상인 병소가 1개 이상)은 본 연구에 포함시킬 필요가 있었다. 환자는 일정한 유속(즉, 투여량 수준)으로 4주에 걸쳐 휴대가능한 미니펌프 시스템을 사용하는 연속적인 정맥내 관주를 통해 보편적인 CD19xCD3 결합 분자를 제공받았다. 환자는 퇴원하여 집에서 치료를 계속 받기 전에 처음 2주 동안의 치료 기간 동안 병원에 입원하였다. 4주 후 질환 진행의 증거가 없는 환자는 추가 4주 동안의 치료를 계속 제공받았다. 최대 허용 투여량(MTD)에 도달하지 않고 하기 6종의 상이한 투여량 수준을 시험하였다: 0.5, 1.5, 5, 15, 30 및 60 $\mu g/m^2$/24h. 집단은 연구 프로토콜에 의해 DLT(투여량 한정 독성)로 정의된 부작용이 관찰되지 않으면 3명의 환자로 구성된다. 처음 3명의 환자 중에서 하나 DLT가 있는 경우, 집단은 6명의 환자로 증가되었고, 이것은 제2 DLT의 부재 하에 추가 투여량 증가를 허용하였다. 따라서, 3명의 환자로 구성된 집단에서 DLT가 없는 경우 투여량 수준 또는 6명의 환자로 구성된 집단에서 하나의 DLT가 있는 경우 투여량 수준은 안전한 것으로 간주되었다. 연구 치료는 DLT를 발생시키는 모든 환자에서 중단되었다. 15 $\mu g/m^2$/24h 및 30 $\mu g/m^2$/24h에서 처음 24시간 동안 치료 개시의 상이한 모드가 여러 추가 집단에서 시험되었다: (i) 처음 24시간 동안 5 $\mu g/m^2$/24h 후부터 15 $\mu g/m^2$/24h 유지 투여량까지 단계적 증가(환자 집단 15-단계), (ii) 심지어 거의 0부터 15 또는 30 $\mu g/m^2$/24h까지 유속의 꾸준한 증가(환자 집단 15-램프(ramp) 및 30-램프) 및 (iii) 매우 초기부터 유지 투여량으로 개시(환자 집단 15-플랫(flat), 30-플랫 및 60-플랫). 투여량 수준 0.5, 1.5 및 5 $\mu g/m^2$/24h에서 환자 집단은 매우 초기부터 유지 투여량으로 개시되었다(즉, 플랫 개시).

[0594] 말초혈에서 절대적인 B 세포 카운트 및 T 세포 카운트의 시간 경과는 4색 FACS 분석에 의해 다음과 같이 측정되었다:

[0595] 혈액 샘플의 채취 및 관용적인 분석

[0596] 환자 집단에서 15-램프, 15-플랫, 30-램프, 30-플랫 및 60-플랫 혈액 샘플(6 ㎖)을 CD19xCD3 결합 분자(국제특허 출원 공개 제WO 99/54440호에 개시되어 있음) 관주의 개시 전, 및 관주의 개시로부터 0.75시간, 2시간, 6시간, 12시간, 24시간, 30시간 및 48시간 후에 수득하였고, 4℃에서 분석을 위해 선적된 EDTA-함유 바큐테이너(Vacutainer)(상표명) 튜브(벡톤 딕킨슨)를 사용한 보편적인 CD19xCD3 결합 분자 관주의 종결로부터 8일, 15일, 17일, 22일, 24일, 29일, 36일, 43일, 50일, 57일 및 4주 후에도 수득하였다. 환자 집단에서 15-단계 혈액 샘플(6 ㎖)을 CD19xCD3 결합 분자 관주 개시 전, 및 관주 개시로부터 6시간, 24시간, 30시간 및 48시간 후에 수득하였고, CD19xCD3 결합 분자 관주의 종결로부터 8일, 15일, 22일, 29일, 36일, 43일, 50일, 57일 및 4주 후에도 수득하였다. 투여량 수준 0.5, 1.5 및 5 $\mu g/m^2$/24h에서, 혈액 샘플(6 ㎖)을 CD19xCD3 결합 분자 관주 개시 전, 및 관주 개시로부터 6시간, 24시간 및 48시간 후에 수득하였고, CD19xCD3 결합 분자 관주의 종결로부터 8일, 15일, 22일, 29일, 36일, 43일, 50일, 57일 및 4주 후에도 수득하였다. 일부 경우, 이 시점들의 약간의 변경이 작업상의 이유로 발생하였다. 림프구 하위집단의 FACS 분석은 혈액 샘플 채취로부터 24 내지 48시간 후 이내에 수행되었다. 혈액 샘플에서 백혈구 집단의 절대적인 수는 카울터카운터(CoulterCounter)(상표명)(카울터) 상에서 차등 혈액 분석을 통해 측정하였다.

[0597] 혈액 샘플로부터의 PBMC의 단리

[0598] PBMC(말초 혈액 단핵 세포) 단리는 변경된 피콜(상표명) 구배 분리 프로토콜에 의해 수행되었다. 혈액을 실온에서 바이콜(상표명) 용액(바이오크롬) 3 ㎖로 예비-적재된 류코셉(Leucosep)(상표명) 튜브(그레이너) 10 ㎖ 내로 옮겼다. 1700xg 및 22℃에서 감속 없이 스윙-아웃 로터에서 15분 동안 원심분리를 수행하였다. 바이콜(상표명) 층 위치의 PBMC를 단리하고, FACS 완충제(PBS/2% FBS[태아소 혈청; 바이오크롬])로 1회 세척하고, 원심분리하고 FACS 완충제에 재현탁하였다. 모든 세척 단계 동안의 원심분리는 800xg 및 4℃에서 스윙-아웃 로터에서 4분 동안 원심분리를 수행하였다. 필요하다면, 적혈구 용해는 단리된 PBMC를 적혈구 용해 완충제(8.29 g

NH_4Cl, 1.00 g $KHCO_3$, 0.037 g EDTA, 1.0 ℓ의 H_2O_{bidest}, pH 7.5) 3 mℓ와 함께 실온에서 항온처리한 후 FACS 완충제로 세척하여 수행하였다.

[0599] 세포 표면 분자에 대한 형광-표지된 항체를 사용한 PBMC의 염색

[0600] 제조자의 권고에 따라 이용된 인비트로겐([1]카달로그 번호 MHCD1301, [2]카달로그 번호 MHCD1401), 다코([5]카달로그 번호 C7224) 또는 벡톤 딕킨슨([3]카달로그 번호 555516, [4]카달로그 번호 345766)으로부터 단일클론 항체를 수득하였다. $5x10^5$ 내지 $1x10^6$개 세포를 하기 항체 조합물로 염색하였다: 항-CD13[1]/ 항-CD14[2](FITC) x 항-CD56[3](PE) x 항-CD3[4](PerCP) x 항-CD19[5](APC). 세포를 V-형 96웰 멀티타이터 플레이트(그레이너)에서 펠렛화하고, 상청액을 제거하였다. 세포 펠렛을 FACS 완충제에 희석된 특이적 항체를 함유하는 총 부피 100 ㎕에 재현탁하였다. 항온처리는 4℃에서 30분 동안 암실에서 수행하였다. 이어서, 샘플을 FACS 완충제로 2회 세척하고, 세포 펠렛을 유세포분류 분석용 FACS 완충제에 재현탁하였다.

[0601] FACS에 의한 염색된 임파구의 유세포분류 검출

[0602] 데이터 수집은 4색 BD FACSCalibur(상표명)(벡톤 딕킨슨)을 이용하여 수행하였다. 각각의 측정을 위해, 정의된 림프구 하위집단의 $1x10^4$개 세포를 획득하였다. 프로그램 셀퀘스트 프로(상표명)(벡톤 딕킨슨)를 이용하여 통계학적 분석을 수행함으로써 림프구 하위집단 백분율을 수득하고 세포 표면 분자 발현 강도를 분류하였다. 이어서, FACS에 의한 측정 시 총 림프구와 관련된 단일 림프구 하위세트의 백분율(즉, CD13/14-염색을 통해 임의의 골수 세포를 배제한 B 세포 + T 세포 + NK 세포)을 차등 혈액 분석으로부터 수득된 림프구 카운트와 상호관련시켜 T 세포(CD3+, CD56-, CD13/14-) 및 B 세포(CD19+, CD13/14-)의 절대적인 세포 수를 계산하였다.

[0603] 치료 개시기에 순환하는 CD19 양성 B 세포를 본질적으로 갖지 않는 모든 환자에서 보편적인 CD19xCD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 개시되어 있음) 치료의 개시기 동안의 T 세포 재분포는 도 19에 도시되어 있다. 비교를 위해, 상당한 수의 순환하는 CD19 양성 B 세포를 갖는 환자에서 CD19xCD13 결합 분자 치료의 개시기 동안 T 세포 재분포의 대표적인 예는 도 22에 도시되어 있다.

[0604] 두 경우(즉, 순환하는 B 세포를 본질적으로 갖지 않는 경우 및 많은 순환하는 B 세포를 갖는 경우)에서, 순환하는 T 세포 카운트는 치료 개시 시 급격히 감소한다. 그러나, 순환하는 B 세포의 부재 하에 T 세포는 매우 초기에 순환하는 혈액 내로 복귀하는 경향을 나타내지만, 치료 개시기에 상당한 수의 순환하는 B 세포를 가진 환자의 순환하는 혈액 내로의 T 세포의 복귀는 순환하는 B 세포가 고갈될 때까지 통상적으로 지연된다. 따라서, T 세포 재분포 패턴은 순환하는 혈액에서의 T 세포의 재등장의 속도 면에서 주로 상이하다.

[0605] CT 스캔을 기초로 한 효능의 평가는 4주 동안의 치료 후, 8주 동안의 치료 후 추가 4주 동안의 치료를 받은 환자 + 모든 경우에서 치료 종결 후 4주 동안 치료를 받은 환자에서 중심 기준 방사선학에 의해 수행되었다. 모든 공지된 병소(팽윤된 비장을 포함함)의 사라짐 및/또는 크기 정상화 + 골수 침윤의 경우 림프종 세포로부터 골수의 제거를 완전한 반응(CR)로서 카운팅하였다. 각각의 예정된 표적 병소의 2개의 가장 큰 직경의 생성물의 합계(SPD)를 기준으로 하였을 때 50% 이상의 감소는 부분 반응(PR)로서 정의되었고, 25% 이상의 감소는 최소 반응(MR)로 간주되었다. 진행성 질환(PD)은 기준으로부터 SPD의 50% 이상의 증가로서 정의되었다. +50%와 -25% 사이의 기준으로부터의 SPD 편차는 안정한 질환(SD)로서 간주되었다.

[0606] 환자 인구통계, 제공받은 투여량 및 34명의 환자에서 임상적 결과는 하기 표 3에 요약되어 있다. CD19xCD3 결합 분자의 임상적 항-종양 활성은 명확히 투여량-의존적이었다: 말초혈로부터 순환하는 CD19 양성 B(림프종) 세포의 일관된 고갈이 5 $\mu g/m^2$/24h부터 관찰되었다. 15 $\mu g/m^2$/24h 및 30 $\mu g/m^2$/24h에서 처음 객관적인 임상적 반응(PR 및 CR)뿐만 아니라 침윤된 골수로부터 B 림프종 세포의 부분적인 및 완전한 제거를 기록하였다. 최종적으로, 60 $\mu g/m^2$/24h에서 100%(PR 및 CR)까지 증가된 반응 속도 및 B 림프종 세포로부터의 골수 제거는 모든 평가가능한 경우에서 완전하였다.

[0607] CD19xCD13 결합 분자는 환자의 대다수에 의해 잘 허용되었다. 인과관계와 관계없이 34명의 환자에서 등급 1 내지 4의 가장 빈번한 부작용이 하기 표 4에 요약되어 있다. CD19xCD3 결합 분자-관련된 부작용은 통상적으로 일시적이고 완전히 가역적이었다. 특히, CD19xCD3 결합 분자 관주의 개시기 동안 반복된 T 세포 재분포와 관련된 CNS의 부작용(주요 증상: 착란 및 방향감장애) 때문에 치료가 초기에 중단된, 순환하는 CD19 양성 B 세포를 본질적으로 갖지 않는 2명의 환자가 있었다(하기 표 3에서 환자 19번 및 24번).

[0608] *이 환자들 중 1명(19번)은 집단 15-단계에 속하였다. 상기 환자는 처음 24시간 동안 5 μg/m^2/24h의 CD19xCD3 결합 분자를 제공받은 후 15 μg/m^2/24h 유지 투여량으로 투여량을 급격한 증가시켰다. 상응하는 T 세포 재분포 패턴은 순환하는 T 세포 카운트가 5 μg/m^2/24h에서 관주를 개시하였을 때 급격히 감소된 후, 순환하는 CD19 양성 B 세포를 본질적으로 함유하지 않는 순환하는 혈액 내에서 T 세포가 일찍 다시 나타남을 보여준다. 그 결과, 말초 T 세포 카운트는 CD19xCD3 결합 분자 투여량이 24시간 후 5 μg/m^2/24h부터 15 μg/m^2/24h까지 증가하였을 때 완전히 회복되었다. 따라서, 투여량 단계는 도 20A에 나타낸 바와 같이 T 세포 재분포의 제2 에피소드를 유발할 수 있었다. 이 반복된 T 세포 재분포는 이 환자에서 CNS 부작용(주요 증상: 착란 및 방향감장애)과 관련되어 있고, 상기 부작용은 관주의 중단을 야기하였다. 반복된 T 세포 재분포와 이러한 CNS 부작용 사이의 관계는 2 내지 4시간 동안 반복된 볼루스 관주로서 CD19xCD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 개시되어 있음)를 제공받은 후 2일 동안의 치료 부재 기간을 가진 B-NHL 환자에서 이전 임상 시험 I 기에서도 관찰되었다(도 20b). 모든 단일 볼루스 관주는 순환하는 T 세포 카운트의 급격한 감소 및 다음 볼루스 관주 전 T 세포 회복으로 구성된 1회의 T 세포 재분포를 유발하였다. 전체적으로, 반복된 T 세포 재분포와 관련된 CNS 부작용은 21명의 환자들 중 5명의 환자에서 관찰되었다. 도 20b는 3번째 T 세포 재분포 후 CNS 증상을 발달시킨 볼루스 관주 시험으로부터 1명의 환자의 대표적인 예를 보여준다. 전형적으로, 볼루스 관주 시험에서 CNS 부작용을 가진 환자는 낮은 순환하는 B 세포 카운트도 갖는다.

[0609] 연속적인 관주 시험으로부터 제2 환자(24번)는 CD19xCD3 결합 분자 관주의 개시기 동안 반복된 T 세포 재분포와 관련된 CNS 부작용(주요 증상: 착란 및 방향감 장애) 때문에 치료가 일찍 중단되었고, 상기 환자는 집단 15-플랫에 속한다. 실수로, 이 환자는 약제의 안정화에 필요한 추가 HSA 없이 CD19xCD3 결합 분자 관주를 제공받았다. 그 결과, 불균일한 약제 유동은 발달하는 CNS 증상 때문에 관주가 중단되어야 하는 결과와 함께 1회의 T 세포 재분포 대신에 반복된 T 세포 재분포를 유발하였다(도 23a). 동일한 환자가 약제 안정화에 필요한 추가 HSA를 함유하는 CD19xCD3 결합 분자 용액(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 개시되어 있음)으로 정확히 올바르게 치료를 다시 받기 시작하였을 경우, 반복된 T 세포 재분포가 관찰되지 않았고, 상기 환자는 임의의 CNS 증상을 다시 발달시키지 않았다(도 23b). 이 환자도 순환하는 B 세포를 본질적으로 갖지 않았기 때문에, 순환하는 T 세포는 관찰된 약제 노출의 미묘한 변화에 대해서도 빠른 재분포 속도로 반응할 수 있었다. 순환하는 표적 세포를 본질적으로 갖지 않는 환자에서 T 세포 재분포와 관련된 CNS 부작용은 내피 세포에 대한 T 세포 부착성의 일시적인 증가 후 관찰된 바와 같은 순환하는 혈액 중의 T 세포 수의 연속적인 하강과 함께 혈관벽에의 순환하는 T 세포의 광범위한 동시적인 부착에 의해 설명될 수 있다. 혈관벽에의 T 세포의 광범위한 동시적인 부착은 내피 투과성 및 내피 세포 활성화의 증가를 야기할 수 있다. 증가된 내피 투과성의 결과는 혈관내 구획으로부터 CNS 간질을 포함하는 간질 조직 구획 내로의 체액 이동이다. 부착된 T 세포에 의한 내피 세포 활성화는 특히 모세혈관 미세순환과 관련하여 혈류(뇌 혈류를 포함함)의 가능한 방해와 함께 전구응고 효과(Monaco et al. J Leukoc Biol 71 (2002) 659-668)를 나타낼 수 있다. 따라서, 순환하는 표적 세포를 본질적으로 갖지 않는 환자에서 T 세포 재분포와 관련된 CNS 부작용은 내피 세포에의 T 세포의 부착을 통한 모세혈관 누출 및/또는 모세혈관 미세순환의 방해의 결과일 수 있다. 1회의 T 세포 재분포에 의해 야기되는 내피 스트레스는 환자의 대다수에 의해 허용되지만, 반복된 T 세포 분포에 의해 야기되는 증가된 내피 스트레스는 종종 CNS 부작용을 야기한다. 1회 초과의 T 세포 재분포는 순환하는 T 세포의 낮은 기준 카운트를 갖는 환자에서만 덜 위험할 수 있다. 그러나, 1회의 T 세포 재분포에 의해 야기되는 제한된 내피 스트레스는 CD19xCD3 결합 분자를 사용한 볼루스 관주 시험에서 21명의 환자들 중 1명의 환자에서 관찰된 바와 같이 CNS 부작용에 대해 증가된 감수성의 드문 경우에서 CNS 부작용을 야기할 수도 있다.

[0610] 이론에 구속받고자 하는 것은 아니지만, 순환하는 표적 세포를 본질적으로 갖지 않는 환자에서 내피 세포에의 T 세포 부착의 일시적인 증가는 보편적인 CD3 결합 분자, 예컨대, CD19xCD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 개시되어 있음)와 CD3 엡실론 상의 환경-의존적인 에피토프의 일가 상호작용에 대한 T 세포 반응으로서 설명될 수 있는데, 상기 반응은 CD3의 입체구조의 알로스테릭 변화 후 전술한 바와 같은 CD3 엡실론의 세포질 도메인으로의 Nck2의 동원을 초래한다. Nck2는 PINCH 및 ILK와 직접적으로 연결되어 있기 때문에(도 28), 보편적인 CD3 결합 분자, 예컨대, CD19xCD3 결합 분자와 CD3 엡실론 상의 환경-의존적인 에피토프의 결합을 통해 CD3의 입체구조의 알로스테릭 변화 후 CD3 엡실론의 세포질 도메인으로의 Nck2의 동원은 T 세포 표면 상의 인테그린을 내부-외부-신호전달을 통해 부착성이 더 높은 그의 동형으로 일시적으로 전환시켜 내피 세포에의 T 세포의 부착성을 증가시킬 수 있다.

[0611] [표 3]

환자 인구통계 및 임상 결과

집단	환자	연령/성별	질환(앤아버 분류)	투여량 수준 [mg/m^2/일]	골수의 제거	최적 반응* (월 또는 주 단위의 CR 지속 기간)
1	1	71/m	IC, Binet C	0.0005	없음	SD
	2	67/f	MCL, 단계 IV/A/E	0.0005	n.d.	PD
	3	67/m	CLL, 단계 IV/B/E	0.0005	n.d.	MR
2	4	69/m	MCL, 단계 IV/B	0.0015	n.i.	SD
	5	49/m	MCL, 단계 IV/A/S	0.0015	n.d.	SD
	6	71/m	MCL, 단계 IV/B/E	0.0015	n.i.	PD
	7	77/m	MCL, 단계 IV/B/E/S	0.0015	n.i.	SD
	8	65/m	CLL, 단계 IV/B/E/S	0.0015	n.d.	PD
	9	75/m	FL, 단계 II/B	0.0015	n.i.	SD
3	10	58/m	MCL, 단계 III/B/S	0.005	n.i.	PD
	11	68/f	FL, 단계 IV/B	0.005	n.d.	SD
	12	65/m	MCL, 단계 III/A/E	0.005	n.i.	SD
4[a]	13	60/m	SLL, 단계 IV/B/S	0.015	완전함	PR
	14	73/m	MCL, 단계 II/A/E	0.015	n.i.	SD
	15	44/m	FL, 단계 IV/B/E/S	0.015	부분적임	PR
	16	61/m	FL, 단계 IV/A/S	0.015	완전함	CR (7mo)
	17	67/m	MZL, 단계 IV/B/S	0.015	n.i.	n.e.
	18	64/m	FL, 단계 IV/A/E	0.015	n.i.	PD
	19	75/m	MCL, 단계	0.015	n.i.	n.e.

[0612]

			III/A			
	20	65/f	FL; 단계 III/A	0.015	n.i.	SD
	21	60/m	MCL, 단계 IV/A/E	0.015	없음	SD
	22	67/f	FL, 단계 IV/B	0.015	완전함	MR
	23	67/m	DLBCL, 단계 III/B	0.015	n.i.	n.e.
	24	65/f	FL, 단계 III/A	0.015	n.d.	SD
	25	74/f	WD, 단계 IV/B	0.015	부분적임	SD
5	26	67/m	MCL, 단계 IV/A	0.03	완전함	SD
	27	48/m	FL, 단계 III/A	0.03	n.i.	PD
	28	58/m	MCL, 단계 III/A	0.03	n.i.	CR (10mo+)
	29	45/f	MCL, 단계 IV/B	0.03	부분적임	PD
	30	59/m	MZL, 단계 III/A	0.03	n.i.	n.e.
	31	43/m	FL, 단계 III/A	0.03	n.i.	MR
6	32	72/m	MCL, 단계 IV/A	0.06	완전함	PR
	33	55/m	MCL, 단계 IV/B	0.06	완전함	CR (4mo+)
	34	52/m	FL, 단계 IV/A	0.06	n.i.	CR[b] (1w+)

* 굵은 글씨체로 표시된 체슨(Cheson) 기준에 의한 핵심적으로 확인된 완전한 반응(CR) 및 부분적인 반응(PR); MR, 최소 반응(≥25 to <50%); SD, 안정한 질환; PD, 진행성 질환; 가로 안의 반응의 최초 문서화로부터의 지속; + 는 지속되는 반응을 표시함.

[a]집단 4는 치료 개시의 3개의 상이한 스케줄을 연구하기 위해 확장됨.

[b]7주의 치료 부재 기간 후 동일한 투여량으로 4주의 추가 치료 주기 후 CR로 전환된 8주 치료 후의 PR.

n.e.: 치료 기간이 <7일 이므로 평가불가능함.

n.d.: 확인되지 않음(침윤되어 있으나, 치료 종료 시점에서 수행된 제2 생검은 없음)

n.i.: 치료 개시 시점에서 침윤되지 않음.

[0613]

[0614] [표 4]

치료 기간 동안 관찰된 부작용의 발생

3명 이상의 환자에서 발생하는 관련 없는 부작용 (N=34)	등급 1-4 N (%)	등급 3-4 N (%)
발열	22 (64.7)	2 (5.9)
백혈구 감소	21 (61.8)	11 (32.4)
림프구 감소	21 (61.8)	21 (61.8)
응고병 (D-이량체의 증가)	16 (47.1)	6 (17.6)
효소 비정상(AP, LDH, CRP)	16 (47.1)	10 (29.4)
간 기능 비정상(ALT, AST, GGT)	16 (47.1)	1 (2.9)
빈혈	13 (38.2)	5 (14.7)
오한	13 (38.2)	0 (0.0)
두통	12 (35.3)	1 (2.9)
저칼륨혈증	12 (35.3)	2 (5.9)
혈소판 감소	12 (35.3)	6 (17.6)
체중 증가	12 (35.3)	0 (0.0)
과혈당	11 (32.4)	2 (5.9)
호중성백혈구 감소	11 (32.4)	8 (23.5)
혈뇨	10 (29.4)	0 (0.0)
부종 말초	10 (29.4)	2 (5.9)
식욕부진	9 (26.5)	1 (2.9)
설사	9 (26.5)	0 (0.0)
체중 감소	9 (26.5)	0 (0.0)
피로	8 (23.5)	1 (2.9)
단백뇨	8 (23.5)	0 (0.0)
저칼슘혈증	7 (20.6)	2 (5.9)
췌장 효소 비정상	7 (20.6)	0 (0.0)
기침	6 (17.6)	0 (0.0)
호흡 곤란	6 (17.6)	0 (0.0)
등 통증	5 (14.7)	0 (0.0)
카테터 부위 통증	5 (14.7)	0 (0.0)
고빌리루빈혈증	5 (14.7)	2 (5.9)
저알부민혈증	5 (14.7)	0 (0.0)
저감마글로불린혈증	5 (14.7)	1 (2.9)
저단백혈증	5 (14.7)	0 (0.0)
흉막 삼출	5 (14.7)	1 (2.9)
구토	5 (14.7)	0 (0.0)
무력증	4 (11.8)	1 (2.9)
혼동 상태	4 (11.8)	0 (0.0)
변비	4 (11.8)	0 (0.0)

[0615]

현기증	4 (11.8)	0 (0.0)
고혈압	4 (11.8)	0 (0.0)
저나트륨혈증	4 (11.8)	2 (5.9)
점막 건조	4 (11.8)	0 (0.0)
근육 연축	4 (11.8)	0 (0.0)
구역	4 (11.8)	0 (0.0)
야간 발한	4 (11.8)	0 (0.0)
복통	3 (8.8)	1 (2.9)
복수	3 (8.8)	0 (0.0)
과다응고	3 (8.8)	0 (0.0)
다한증	3 (8.8)	0 (0.0)
저글로불린혈증	3 (8.8)	0 (0.0)
불면증	3 (8.8)	0 (0.0)
간 장애	3 (8.8)	1 (2.9)
코인두염	3 (8.8)	0 (0.0)
가려움증	3 (8.8)	0 (0.0)

사용된 약어는 다음과 같다: AE, 부작용; AP, 알칼리성 포스파테이즈; LDH, 락테이트 데하이드로게네이즈; CRP, C-반응 단백질; ALT, 알라닌 트랜스아미네이즈; AST, 아스파테이트 트랜스아미네이즈; GGT, 감마-글루타밀 트랜스아미네이즈; 34 명의 환자의 추가 치료 주기로부터 수득된 AE 데이터는 포함되지 않았음.

[0616]

[0617] 전술한 바와 같이, 환경-의존적인 에피토프에 결합 수 있는 보편적인 CD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 개시되어 있음)가 비록 기능성 분자이지만 CNS 부작용을 야기하는 환자에서 T 세포 재분포의 원하는 효과를 야기한다. 대조적으로, 본 발명의 결합 분자는 CD3 엡실론 쇄의 환경-독립적인 N-말단 1 내지 27 아미노산에 결합함으로써 이러한 T 세포 재분포 효과를 야기하지 않는다. 그 결과, 본 발명의 CD3 결합 분자는 보편적인 CD3 결합 분자와 비교할 때 보다 우수한 안정성 프로파일과 관련되어 있다.

[0618] 14. 표면 표적 항원을 인식함으로써 T 세포-매개된 표적 세포 용해를 유도하는 본 발명의 이중특이적 CD3 결합 분자는 생체 내에서 표적 항원 양성 세포를 고갈시킨다.

[0619] CD33을 표적 항원으로서 인식하는 본 발명의 이중특이적 CD3 결합 분자는 시아노몰구스 원숭이의 말초혈로부터 CD33 양성 순환하는 단핵구를 고갈시킨다.

[0620] CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL(아미노산 서열: 서열번호 267)은 코딩 뉴클레오티드 서열 서열번호 268을 사용하여 CHO 세포에서 발현시킴으로써 생성하였다.

[0621] (i) 코작 컨센서스 서열 내에 묻혀있는 개시 코돈을 포함하는 N-말단 면역글로불린 중쇄 리더, 및 (ii) C-말단 His6 태그에 이어서 정지 코돈으로 구성된 코딩 서열을 발현 벡터 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)의 다중 클로닝 부위 내로의 유전자 합성에 의해 수득된 생성된 DNA 단편의 삽입 전에 서열번호 268의 뉴클레오티드 서열에 인 프레임으로 연결시켰다. DHFR-결여 CHO 세포의 안정한 형질감염, 배양물 상청액 내로 CD3 결합 분자 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL을 분비하는 DHFR 양성 형질감염체의 선별, 및 증가하는 발현 수준에 대한 메토트렉세이트를 사용한 유전자 증폭을 공지된 바와 같이 수행하였다(Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025). 시아노몰구스 원숭이에서 사용하기 위한 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 분석적 SEC-프로파일은 시험 물질이 거의 배타적으로 단량체로 구성되어 있음을 보여주었다. 시험 물질의 효능은 시아노몰구스 CD33으로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하고 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포의 공급원으로서 사용하여 실시예 16.5에 기재된 바와 같이 세포독성 분석에서 측정하였다(도 25). 이펙터 T 세포에 의한 절반-최대 표적 세포 용해에 필요한 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 농도(EC_{50})는 2.7 ng/mℓ인 것으로 측정되었다.

[0622] 젊은(약 3년 연령) 성숙 시아노몰구스 원숭이(마카카 파시쿨라리스)를 다양한 유속(즉, 투여량 수준)에서 CD3 결합 분자 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 연속적인 정맥내 관주로 처리하여 말초혈로부터의 순환하는 CD33 양성 단핵구의 고갈을 연구하였다. 이 상황은 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포를 갖는 B-NHL 환자의 보편적인 CD3 결합 분자 CD19xCD3(B 세포 상의 CD19 및 T 세포 상의 CD3에 대한 특이성을 나타냄)(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO99/54440호 참조)을 사용한 처리와 동등하다. 말초혈로부터의 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포의 고갈은 CD19 양성 B 세포 악성종, 예컨대, B-NHL 환자에서 보편적인 CD3 결합 분자(국제특허출원 공개 제WO99/54440호에 의해 제공된 CD19xCD3)의 일반적인 임상 효능에 대한 유효한 대체 효과로서 확인되었다. 마찬

가지로, 말초혈로부터의 순환하는 CD33 양성 단핵구의 고갈은 CD33 양성 골수 악성종, 예컨대, AML(급성 골수 백혈병) 환자에서 본 발명의 CD33-유도된 이중특이적 CD3 결합 분자, 예컨대, CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 일반적인 임상 효능의 유효한 대체 효과로서 간주된다.

[0623] 연속적인 관주는 다음과 같은 스위벨 방법에 따라 수행되었다: 정맥 카테터를 이용하여 원숭이의 대퇴 정맥을 통해 하대정맥 내로 케테터를 삽입하였다. 카테터는 등 어깨 영역으로 피하 삽입되어 꼬리 견갑골에서 몸 밖으로 나왔다. 이어서, 튜브를 자켓 및 보호 스프링에 통과시켰다. 상기 자켓은 동물 주변에 고정되었고, 카테터는 튜브를 통해 관주 펌프에 연결되었다.

[0624] 시험 물질을 함유하지 않는 투여 용액(1.25 M 라이신, 0.1% 트윈 80, pH 7)을 치료 개시 전 7일 동안 48 ㎖/24h로 연속적으로 관주하여 동물이 관주 상태에 적응하게 하였다. 치료는 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL 시험 물질을 시험될 개개의 투여량 수준(CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 유속)에 필요한 양으로 투여 용액에 첨가함으로써 개시하였다. 관주 저장기는 전체 적응 및 치료 기간에 걸쳐 매일 교체하였다. 계획된 치료 기간은 동물이 14일의 치료를 받는 120 ㎍/m^2/24h 투여량 수준을 제외하고 7일이었다.

[0625] 순환하는 T 세포 및 CD33 양성 단핵구의 절대적인 카운트의 시간 경과는 각각 4색 또는 3색 FACS 분석으로 측정하였다.

[0626] 혈액 샘플의 채취 및 관용적인 분석

[0627] 혈액 샘플(1 ㎖)을 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL을 사용한 연속적인 관주의 개시 전, 및 관주의 개시로부터 0.75시간, 2시간, 6시간, 12시간, 24시간, 30시간, 48시간 및 72시간 후에 수득하였고, 4℃에서 분석을 위해 선적된 EDTA-함유 바큐테이너(상표명) 튜브(벡톤 딕킨슨)를 사용한 치료로부터 7일 및 14일 후(및 120 ㎍/m^2/24h 투여량 수준에서는 9일 후)에도 수득하였다. 일부 경우, 이 시점들의 약간의 변경이 작업상의 이유로 발생하였다. 림프구 하위집단의 FACS 분석은 혈액 샘플 채취로부터 24 내지 48시간 후 이내에 수행되었다. 혈액 샘플에서 백혈구 하위집단의 절대적인 수는 일반적인 수의학 연구실에서 차등 혈액 분석을 통해 측정하였다.

[0628] 혈액 샘플로부터의 PBMC의 단리

[0629] PBMC(말초혈 단핵 세포)는 사용되는 부피를 변경시켜 상기 실시예 13에 기재된 프로토콜과 유사하게 단리하였다.

[0630] 세포 표면 분자에 대한 형광-표지 항체를 사용한 PBMC의 염색

[0631] 시아노몰구스 항원과 반응하는 단일클론 항체를 제조자의 권고에 따라 사용된 벡톤 디킨슨([1]카달로그 번호 345784, [2]카달로그 번호 556647, [3]카달로그 번호 552851, [6]카달로그 번호 557710), 벡크만 카울터([4]카달로그 번호 IM2470) 및 밀테니이([5]카달로그 번호 130-091-732)로부터 수득하였다. 5x10^5 내지 1x10^6개 세포를 하기 항체 조합물로 염색하였다: 항-CD14[1] (FITC) x 항-CD56[2] (PE) x 항-CD33 (PerCP) x 항-CD19[4] (APC) 및 항-CD14[1] (FITC) x 항-CD33[5] (PE) x 항-CD16[6](알렉사 플루오르 64[7](상표명)). 추가 단계는 상기 실시예 13에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0632] FACS에 의한 염색된 림프구의 유세포분류 검출

[0633] 데이터 수집은 4색 BD FACSCalibur(상표명)(벡톤 딕킨슨)을 이용하여 수행하였다. 각각의 측정을 위해, 정의된 림프구 하위집단의 1x10^4개 세포를 획득하였다. 프로그램 셀퀘스트 프로(상표명)(벡톤 딕킨슨)를 이용하여 통계학적 분석을 수행함으로써 림프구 하위집단 백분율을 수득하고 세포 표면 분자 발현 강도를 분류하였다. 이어서, FACS에 의한 측정 시 총 림프구와 관련된 단일 림프구 하위세트의 백분율(즉, CD14-염색을 통해 임의의 골수 세포를 배제한 B 세포 + T 세포 + NK 세포)을 차등 혈액 분석으로부터 수득된 림프구 카운트와 상호관련시켜 T 세포(CD3+, CD56-, CD14-)의 절대적인 세포 수를 계산하였다. CD33 양성 단핵구의 절대적인 수는 차등 혈액 분석으로부터 수득된 단핵구 카운트를 FACS에 의해 측정된 모든 단핵구(CD14+)에 대한 CD33 양성 단핵구(CD33+, CD14+)의 상응하는 비와 곱하여 계산하였다. 집단간 투여량을 30 ㎍/m^2/24h부터 60 ㎍/m^2/24h까지 상승시키고 240 ㎍/m^2/24h부터 1000 ㎍/m^2/24h까지 상승시키면서 2마리 시아노몰구스 원숭이로 구성된 4개 집단에서 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL를 사용한 치료 말기에서 순환하는 CD33 양성 단핵구의 절대적인 카운트의 기준(즉,

100%)과 비교한 백분율은 도 26A에 도시되어 있다.

[0634] 도 26A에 나타낸 바와 같이, CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL의 연속적인 정맥내 관주는 투여량-의존적인 방식으로 순환하는 CD33 양성 단핵구의 고갈을 유도한다. 30 $\mu g/m^2$/24h에서 순환하는 CD33 양성 단핵구의 검출가능한 고갈은 여전히 없었지만, CD33 양성 단핵구 카운트의 감소에 대한 첫 번째 경향은 치료로부터 7일 후 60 $\mu g/m^2$/24h에서 관찰되었다. 240 $\mu g/m^2$/24h에서, 순환하는 CD33 양성 단핵구는 치료로부터 3일 후 말초혈로부터 거의 완전히 고갈되었다. 이것은 1000 $\mu g/m^2$/24h에서 훨씬 더 빨리 도달되었고, 상기 농도에서 말초혈로부터의 순환하는 CD33 양성 단핵구의 고갈은 치료로부터 1일 후 이미 완결되었다.

[0635] 이 발견은 순환하는 CD33 양성 단핵구가 120 $\mu g/m^2$/24h에서 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL을 사용한 연속적인 관주로 14일 동안 치료받은 2마리의 시아노몰구스 원숭이에서 각각의 기준에 비해 3분의 2 및 50%까지 고갈됨을 입증하는 도 26B에 나타낸 결과에 의해 확인되었다.

[0636] 이 결과는 일반적으로 본 발명의 CD3 결합 분자, 및 CD33 양성 악성종, 예컨대, 특히 AML의 치료를 위한 본 발명의 이중특이적 CD33-유도된 CD3 결합 분자의 의 분명한 신호 임상적 신호이다. 뿐만 아니라, 순환하는 표적 세포(즉, CD33 양성 단핵구)의 존재 하에 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL를 사용한 치료의 개시기 동안 T 세포 재분포는 도 22에 나타낸 바와 같이 상당한 수의 순환하는 표적 세포(즉, CD19 양성 B 세포)를 갖는 B-NHL 환자에서 보편적인 CD19xCD3 구축물(국제특허출원 공개 제WO99/54440호에 기재되어 있음)을 사용한 치료의 개시기 동안의 T 세포 재분포보다 훨씬 덜 현저한 것 같다. T 세포가 CD19xCD3 관주의 개시 시 순환으로부터 완전히 사라지고 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포가 말초혈로부터 고갈될 때까지 다시 나타나지 않지만(도 22), 순환하는 T 세포의 초기 사라짐은 CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL을 사용한 관주 개시 시 불완전하고, T 세포 카운트는 순환하는 CD33 양성 표적 세포가 존재하는 기간 동안 여전히 회복된다(도 26b). 이것은 본 발명의 CD3 결합 분자(인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 대해 유도되고 생성되며, 서열번호 2, 4, 6 또는 8에 제공된 아미노산 서열의 일부, 단편 또는 전장임)가 환경-독립적인 CD3 에피토프를 인식함으로써 환경-의존적인 CD3 에피토프, 예컨대, 국제특허출원 공개 제WO99/54440호에 기재된 결합 분자를 인식하는 보편적인 CD3 결합 분자보다 더 유리한 T 세포 재분포 프로파일을 보임을 확인시켜 준다.

[0637] 15. 본질적으로 환경-독립적인 CD3 에피토프에 대해 유도된 본 발명의 CD3 결합 분자는 순환하는 표적 세포의 부재 하에 순환하는 T 세포의 재순환을 덜 유도함으로써 치료의 개시와 관련된 부작용의 위험을 감소시킨다.

[0638] 본 발명의 대표적인 종간 특이적 CD3 결합 분자를 사용한 치료 개시 후 시아노몰구스 원숭이에서 감소된 T 세포 재분포

[0639] MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL(아미노산 서열: 서열번호 193)은 서열번호 194의 코딩 뉴클레오티드 서열을 사용하여 CHO 세포에서 발현시킴으로써 생성하였다. (i) 코작 컨센서스 서열 내에 묻혀있는 개시 코돈을 포함하는 N-말단 면역글로불린 중쇄 리더, 및 (ii) C-말단 His6 태그에 이어서 정지 코돈을 포함하는 코딩 서열을 발현 벡터 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)의 다중 클로닝 부위 내로의 유전자 합성에 의해 수득된 생성된 DNA 단편의 삽입 전에 서열번호 194의 뉴클레오티드 서열에 인 프레임으로 부착시켰다. DHFR-결여 CHO 세포의 안정한 형질감염, 배양물 상청액 내로 CD3 결합 분자 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL을 분비하는 DHFR 양성 형질감염체의 선별, 및 증가하는 발현 수준에 대한 메토트렉세이트를 사용한 유전자 증폭을 공지된 바와 같이 수행하였다(Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025). 시아노몰구스 원숭이의 치료를 위한 시험 물질을 200 ℓ 발효기 내에서 제조하였다. 수거물로부터의 단백질 정제는 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 C-말단 His6 태그를 표적화시키는 IMAC 친화성 분석에 이어서 분취 크기 배제 크로마토그래피(SEC)에 의거하였다. 최종 내독소-무함유 시험 물질의 총 수율은 40 mg이었다. 시험 물질은 70% 단량체, 30% 이량체 및 작은 오염물질(이량체보다 높은 차수의 다량체)로 구성되었다. 시험 물질의 효능은 시아노몰구스 MCSP로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하고 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포의 공급원으로서 사용하여 실시예 11에 기재된 세포독성 분석에서 측정하였다(도 27). 이펙터 T 세포에 의한 절반-최대 표적 세포 용해에 필요한 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 농도(EC_{50})는 1.9 ng/mℓ인 것으로 측정되었다.

[0640] 젊은(약 3년 연령) 성숙 시아노몰구스 원숭이(마카카 파시쿨라리스)를 다양한 유속(즉, 투여량 수준)에서 CD3 결합 분자 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 연속적인 정맥내 관주로 처리하여 순환하는 표적 세포의 부재 하에 치료의 개시 후 순환하는 T 세포의 재분포를 연구하였다. CD3 결합 분자 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL은 시아노몰구스 MCSP 및 시아노몰구스 CD3 둘다를 인식할 수 있지만, MCSP를 발현하는 순환하는 혈액 세포는 없다. 따라

서, 순환하는 혈액에서 가능한 상호작용만이 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 CD3-특이적 아암(arm)과 T 세포의 결합이다. 이 상황은 실시예 13에 기재된 바와 같이 순환하는 CD19 양성 표적 B 세포를 갖지 않는 B-NHL 환자의 보편적인 CD3 결합 분자 CD19xCD3(B 세포 상의 CD19 및 T 세포 상의 CD3에 대한 특이성을 나타냄)을 사용한 처리와 동등하다. 연속적인 관주는 다음과 같은 스위벨 방법에 따라 수행되었다: 정맥 카테터를 이용하여 원숭이의 대퇴 정맥을 통해 하대정맥 내로 카테터를 삽입하였다. 카테터는 등 어깨 영역으로 피하 삽입되어 꼬리 견갑골에서 몸 밖으로 나왔다. 이어서, 튜브를 자켓 및 보호 스프링에 통과시켰다. 상기 자켓은 동물 주변에 고정되었고, 카테터는 튜브를 통해 관주 펌프에 연결되었다.

[0641] 시험 물질을 함유하지 않는 투여 용액(1.25 M 라이신, 0.1% 트윈 80, pH 7)을 치료 개시 전 7일 동안 48 ㎖/24h로 연속적으로 관주하여 동물이 관주 상태에 적응하게 하였다. 치료는 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL 시험 물질을 시험될 개개의 투여량 수준(MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL의 유속)에 필요한 양으로 투여 용액에 첨가함으로써 개시하였다. 관주 저장기는 전체 적응 및 치료 기간에 걸쳐 매일 교체하였다. 치료 기간은 7일이었다.

[0642] 말초혈에서 T 세포의 절대적인 카운트의 시간 경과는 다음과 같이 4색 FACS 분석으로 측정하였다.

[0643] 혈액 샘플의 채취 및 관용적인 분석

[0644] 혈액 샘플(1 ㎖)을 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL을 사용한 연속적인 관주의 개시 전, 및 관주의 개시로부터 0.75시간, 2시간, 6시간, 12시간, 24시간, 30시간, 48시간 및 72시간 후에 수득하였고, 4℃에서 분석을 위해 선적된 EDTA-함유 바큐테이너(상표명) 튜브(벡톤 딕킨슨)를 사용한 치료로부터 7일 후에도 수득하였다. 일부 경우, 이 시점들의 약간의 변경이 작업상의 이유로 발생하였다. 림프구 하위집단의 FACS 분석은 혈액 샘플 채취로부터 24 내지 48시간 후 이내에 수행되었다. 혈액 샘플에서 백혈구 하위집단의 절대적인 수는 일반적인 수의학 연구실에서 차등 혈액 분석을 통해 측정하였다.

[0645] 혈액 샘플로부터의 PBMC의 단리

[0646] PBMC는 사용되는 부피를 변경하여 상기 실시예 13에 기재된 프로토콜과 유사하게 단리하였다.

[0647] 세포 표면 분자에 대한 형광-표지된 항체를 사용한 PBMC의 염색

[0648] 시아노몰구스 항원과 반응하는 단일클론 항체를 제조자의 권고에 따라 사용된 벡톤 디킨슨([1]카달로그 번호 345784, [2]카달로그 번호 556647, [3]카달로그 번호 552851) 및 벡크만 카울터([4]카달로그 번호 IM2470)로부터 수득하였다. $5x10^5$ 내지 $1x10^6$개 세포를 하기 항체 조합물로 염색하였다: 항-CD14[1] (FITC) x 항-CD56[2] (PE) x 항-CD33 (PerCP) x 항-CD19[4] (APC). 추가 단계는 상기 실시예 13에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0649] FACS에 의한 염색된 림프구의 유세포분류 검출

[0650] 데이터 수집은 4색 BD FACSCalibur(상표명)(벡톤 딕킨슨)을 이용하여 수행하였다. 각각의 측정을 위해, 정의된 림프구 하위집단의 $1x10^4$개 세포를 획득하였다. 프로그램 셀퀘스트 프로(상표명)(벡톤 딕킨슨)를 이용하여 통계학적 분석을 수행함으로써 림프구 하위집단 백분율을 수득하고 세포 표면 분자 발현 강도를 분류하였다. 이어서, FACS에 의한 측정 시 총 림프구와 관련된 단일 림프구 하위세트의 백분율(즉, CD14-염색을 통해 임의의 골수 세포를 배제한 B 세포 + T 세포 + NK 세포)을 차등 혈액 분석으로부터 수득된 림프구 카운트와 상호관련시켜 T 세포(CD3+, CD56-, CD14-)의 절대적인 세포 수를 계산하였다. CD33 양성 단핵구의 절대적인 수는 차등 혈액 분석으로부터 수득된 단핵구 카운트를 FACS에 의해 측정된 모든 단핵구(CD14+)에 대한 CD33 양성 단핵구(CD33+, CD14+)의 상응하는 비와 곱하여 계산하였다. 60 $\mu g/m^2$/24h, 240 $\mu g/m^2$/24h 및 1000 $\mu g/m^2$/24h의 투여량 수준에서 시아노몰구스 원숭이에서 MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL을 사용한 치료의 개시기 동안 T 세포 재분포는 도 28에 도시되어 있다. 이 동물들은 치료의 개시기 동안 임의의 T 세포 재분포의 징후를 전혀 보이지 않았다. 즉, T 세포 카운트가 치료 개시 시 감소되었다기 보다는 오히려 증가되었다. T 세포 재분포가 환경-의존적인 CD3 에피토프에 대한 보편적인 CD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 기재된 CD19xCD3 구축물)를 사용한 치료 개시 시 순환하는 표적 세포를 갖지 않는 모든 환자의 100%에서 일관되게 관찰되었으므로, 치료 개시 시 순환하는 표적 세포의 부재 하에 실질적으로 보다 낮은 T 세포 재분포가 서열번호 2, 4, 6 또는 8 중 어느 하나의 아미노산 서열 또는 이의 단편에 의해 정의된 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론 쇄의 에피토프에 대해 유도되고 생성된 본 발명의 CD3 결합 분자에서 관찰될 수 있음이 입증되었다. 이것은 환경-의존적인 CD3 에피토프, 예컨대, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 기재된 구축물에 대해 유도된 CD3 결합 분자와

명백히 대조적이다. 환경-독립적인 CD3 에피토프, 특히 서열번호 2, 4, 6 또는 8 중 어느 하나의 아미노산 서열(또는 이의 단편)에 제시된 환경-독립적인 에피토프는 (해롭고 원치 않는) T 세포 재분포를 실질적으로 보다 덜 제공한다. CD3 결합 분자를 사용한 치료의 개시기 동안 T 세포 재분포가 CNS 부작용에 대한 주요 위험 인자이기 때문에, 환경-독립적인 CD3 에피토프를 인식할 수 있는, 본원에 제공된 CD3 결합 분자는 환경-의존적인 CD3 에피토프에 대해 유도되고 당분야에 공지되어 있는 CD3 결합 분자에 비해 상당한 이점을 갖는다. 실제로, MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL로 치료된 시아노몰구스 원숭이들 중 어느 원숭이도 CNS 증상의 어떠한 징후도 보이지 않았다.

[0651] CD3 에피토프의 환경-독립성은 본 발명에서 제공되고 CD3 엡실론의 처음 27개 N-말단 아미노산 또는 이 27개 아미노산 스트레치의 단편에 상응한다. 이 환경-독립적인 에피토프는 CD3 결합체 내에서 그의 천연 환경으로부터 벗어나 있고 그의 구조적 통합성을 상실하지 않으면서 이종 아미노산 서열에 융합되어 있다. 본원에 제공된, 환경-독립적인 CD3 에피토프에 대해 생성된(및 유도된) 항-CD3 결합 분자는 T 세포 재분포와 관련하여 놀라운 임상적 개선을 제공하므로 보다 유리한 안정성 프로파일을 제공한다. 이론에 구속받고자 하는 것은 아니지만, 상기 항체의 CD3 에피토프는 환경-독립적이어서 CD3 결합체의 나머지 부분에 유의한 영향을 미치지 않으면서 자율적인 자가충분 서브도메인을 형성하기 때문에, 본원에 제공된 CD3 결합 분자는 환경-의존적인 CD3 에피토프를 인식하는 보편적인 CD3 결합 분자(예컨대, 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호에 제공된 분자)보다 CD3 입체구조의 알로스테릭 변화를 덜 유도한다. 그 결과(이론에 구속받고자 하는 것은 아니지만), 본원에 제공된 CD3 결합 분자에 의한 세포내 NcK2 동원의 유도 또한 감소되어 T 세포 인테그린의 동형 전환 및 내피 세포에의 T 세포 부착을 덜 야기한다. (본원에 정의된 내용-독립적인 에피토프에 대해 유도되고 생성된) 본 발명의 CD3 결합 분자의 제제는 본질적으로 단량체 분자로 구성되는 것이 바람직하다. 이 단량체 분자는 T 세포 재분포 및 이에 따라 치료의 개시기 동안 발생되는 CNS 부작용의 위험을 피하는 데 있어서 (이량체 또는 다량체 분자보다) 훨씬 더 효율적이다.

[0652] 16. CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 특징규명

[0653] 16.1. 인간 CD33을 발현하는 CHO 세포의 생성

[0654] 진뱅크에 공개된 인간 CD33의 코딩 서열(검색 번호 NM_001772)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드를 함유하고, 이어서 성숙 인간 CD33 단백질의 코딩 서열에 이어서 세린 글리신 다이펩티드 및 His6 태그의 코딩 서열 및 정지 코돈을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 305 및 306에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[0655] 16.2. 짧은꼬리 원숭이 CD33의 세포외 도메인을 발현하는 CHO 세포의 생성

[0656] 짧은꼬리 원숭이 CD33의 cDNA 서열은 표준 프로토콜에 따라 제조된 짧은꼬리 원숭이 골수의 cDNA에 대해 3회 PCR 반응을 수행하여 수득하였다. 하기 반응 조건 및 하기 프라이머가 사용되었다: 94℃에서 3분, 1주기; 94℃에서 1분, 53℃에서 1분 및 72℃에서 2분, 35주기; 및 이어서 72℃에서 3분, 마지막 주기.

[0657] 1. 전방향 프라이머: 5'-gaggaattcaccatgccgctgctgctactgctgcccctgctgtgggcaggggccctggctatgg-3'(서열번호 369), 및 역방향 프라이머: 5'-gatttgtaactgtatttggtacttcc-3'(서열번호 370)

[0658] 2. 전방향 프라이머: 5'-attccgcctccttggggatcc-3' (서열번호 371), 및 역방향 프라이머: 5'-gcataggagacattgagctggatgg-3'(서열번호 372)

[0659] 3. 전방향 프라이머: 5'-gcaccaacctgacctgtcagg-3'(서열번호 373), 및 역방향 프라이머: 5'-agtgggtcgactcactgggtcctgacctctgagtattcg-3'(서열번호 374).

[0660] 상기 PCR은 PCR 프라이머를 사용하는 표준 프로토콜에 따라 단리되고 서열분석되는 3개의 중첩 단편을 생성함으로써 성숙 단백질의 제2 뉴클레오티드(코돈 +2)부터 성숙 단백질의 제3 뉴클레오티드(코돈 +340)에 이르는 짧은꼬리 원숭이 CD33의 cDNA 서열의 일부를 제공하였다. 짧은꼬리 원숭이 CD33에 대한 구축물을 생성하기 위해, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 cDNA 단편을 수득하였다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 307 및 308에 기재되어 있음). 이 구축물에서, 성숙 CD33 단백질의 아미노산 +3부터 +340에 이르는 짧은꼬리 원숭이 CD33의 코딩 서열은 인간 CD33의 코딩 서열에 융합되어 아미노산 +3 내지 +340의 인간 코딩 서열을 치환시켰다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고, 짧은꼬리 원숭이 CD33의 본질적으로 전체 세포외 도메인, 짧은꼬리 원숭이 CD33 경막 도메인 및 짧은꼬리 원숭이-인간 키메라 세포내 CD33 도메인을 코딩하는 cDNA를 함유하는 단편의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 XbaI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 그 다음, 유전자 합성 단편을 XbaI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 이 플라스미드의 서열 검증된 클론을 사용하여 전술한 바와 같이 CHO/DHRF-결여 세포를 형질감염시켰다.

[0661] 16.3. CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체 분자의 생성

[0662] 종간 특이적 결합 분자의 클로닝

[0663] 일반적으로, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 CD33 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 항체 분자는 하기 표 5에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[0664] [표 5]

항-CD3 및 항-CD33 종간 특이적 이중특이적 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
276/275	AH11HLxH2CHL
258/257	AH3HLxH2CHL
270/269	AC8HLxH2CHL
264/263	AF5HLxH2CHL
288/287	F2HLxH2CHL
300/299	E11HLxH2CHL
282/281	B3HLxH2CHL
294/293	B10HLxH2CHL
278/277	AH11HLxF12QHL
260/259	AH3HLxF12QHL
272/271	AC8HLxF12QHL
266/265	AF5HLxF12QHL
290/289	F2HLxF12QHL
302/301	E11HLxF12QHL
284/283	B3HLxF12QHL
296/295	B10HLxF12QHL
280/279	AH11HLxI2CHL
262/261	AH3HLxI2CHL
274/273	AC8HLxI2CHL
268/267	AF5HLxI2CHL
292/291	F2HLxI2CHL
304/303	E11HLxI2CHL
286/285	B3HLxI2CHL
298/297	B10HLxI2CHL

[0665]

[0666] 인간 CD33 및 짧은꼬리 원숭이 CD33에 대한 종간 특이성을 나타내는 가변 경쇄(VL) 및 가변 중쇄(VH) 도메인, 및 인간 CD3 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 CD3 특이적 VH 및 VL을 함유하는 상기 구축물은 유전자 합성으로 수득하였다. 유전자 합성 단편을 디자인하고, 진핵 단백질 발현을 MCSP 및 CD3 종간 특이적 단일쇄 분자에 대해 실시예 8에 기재된 바와 유사하게 수행하였다.

[0667] 전술한 단일쇄 분자의 발현 및 정제가 CD33 및 CD3 종간 특이적 단일쇄 분자의 발현 및 정제에도 동일하게 적용된다.

[0668] 웨스턴 블롯에서 정제된 이중특이적 항체에 상응하는 52 kD에서 단일 밴드가 검출되었다.

[0669] 16.4. CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[0670] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33 및 CD3 각각에 결합하는 능력에 대하여 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, 인간 또는 짧은꼬리 원숭이 CD33 세포외 도메인을 발현하는 CHO 세포를 사용하여 실시예 10에서 MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 분석에 대해 기재된 분석과 유사한 FACS 분석을 수행하였다(실시예 16.1 및 16.2 참조). 본 발명의 CD3 결합 분자의 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3의 특이적 결합은 도 29에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군 각각과 비교할 때 CD3 및 CD33에의 결합을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 CD33 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[0671] 16.5. CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 생체활성

[0672] 생성된 이중특이적 항체의 생체활성은 실시예 16.1 및 16.2에 기재된 CD33 양성 세포주를 사용한 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출로 분석하였다. 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 도면에 표시된 바와 같이 이펙터 세포로서 사용하였다. 세포독성 분석은 인간 또는 짧은꼬리 원숭이 CD33 세포외 도메인(실시예 16.1 및 16.2 참조)을 발현하는 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하여 실시예 11에서 MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 생체활성 분석에 대해 기재된 셋팅과 유사하게 수행하였다.

[0673] 도 30에 나타낸 바와 같이, 생성된 종간 특이적 이중특이적 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 인간 CD33 양성 표적 세포에 대한 세포독성, 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 CD33 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타낸다.

[0674] 17. N-말단 1 내지 27 아미노산에 상응하는 환경-독립적인 CD3 엡실론 에피토프를 기초로 한 친화성 방법에 의한 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 정제

[0675] 17.1. N-말단 1 내지 27 아미노산에 상응하는 단리된 환경-독립적인 CD3 엡실론 에피토프를 디스플레이하는 친화성 컬럼의 생성

[0676] 상기 인간 면역글로불린 IgG1의 힌지 영역 및 Fc 감마 영역에 융합된 인간 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 구성된 구축물 1 내지 27 CD3-Fc의 발현을 위한 플라스미드(실시예 3; 재조합 융합 단백질의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 230 및 229에 기재되어 있음)를 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다. 2회 계대의 정지상 배양 후, 세포를 수거 전 7일 동안 뉴클레오시드-무함유 HyQ PF CHO 액체 대두 배지(0.1% 플루로닉(Pluronic) F-68과 함께 4.0 mM L-글루타민이 함유됨; 하이클론)가 함유된 롤러 병 내에서 생장시켰다. 세포를 원심분리하여 제거하고, 발현된 단백질을 함유하는 상청액을 -20℃에 저장하였다. 융합 단백질의 단리를 위해, 염소 항-인간 Fc 친화성 컬럼을, 소, 말 및 마우스 혈청 단백질과의 최소 교차-반응을 보이는 상업적으로 입수가능한 친화성 정제된 염소 항-인간 IgG Fc 단편 특이적 항체를 사용하여 표준 프로토콜에 따라 제조하였다(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드). 이 친화성 컬럼을 사용하여 악타 익스플로어 시스템(지이 아머샴) 상에서 세포 배양물 상청액으로부터 융합 단백질을 단리하고 시트르산으로 용출하였다. 용출물을 중화시키고 농축하였다. 아민 무함유 커플링 완충제에 대한 투석 후, 정제된 융합 단백질을 N-하이드록시-석신이미드 NHS 활성화된 1 ㎖ 하이트랩 컬럼지이 아머샴)에 커플링시켰다.

[0677] 커플링 후, 잔류 NHS 기를 블록킹하고, 컬럼을 세척하고 0.1% 나트륨 아지드가 함유된 5℃ 저장 완충제에서 저장하였다.

[0678] 17.2. 인간 CD3 펩티드 친화성 컬럼을 사용한 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 정제

[0679] 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자를 발현하는 세포의 세포 배양물 상청액 200 ㎖를 0.2 ㎛ 멸균 필터로 여과하고 악타 익스플로어 시스템(지이 아머샴)을 사용하는 CD3 펩티드 친화성 컬럼에 인가하였다. 이어서, 컬럼을 PBS(pH 7.4)로 세척하여 비-결합된 샘플을 제거하였다. 20 mM 시트르산 및 1 M 염화나트륨을 함유하는 산성 완

충제(pH 3.0)를 사용하여 용출하였다. 용출된 단백질을 분획 수집기의 수집 튜브에 함유된 1 M 트라이스(pH 8.3)으로 즉시 중화시켰다.

[0680] SDS-PAGE 및 웨스턴 블롯을 사용하여 단백질 분석을 수행하였다.

[0681] SDS-PAGE를 위해, 바이스트라이스 겔 4 내지 12%(인비트로겐)를 사용하였다. 런닝 완충제는 1x MES-SDS 완충제(인비트로겐)이었다. 단백질 표준물로서 예비염색된 샤프 단백질 표준물(인비트로겐)을 사용하였다. 200 볼트 및 120 mA 맥스에서 전기영동을 60분 동안 수행하였다. 겔을 탈광물화된 물로 세척하고 코마시에 블루로 1시간 동안 염색하였다. 겔을 탈광물화된 물에서 3시간 동안 탈염하였다. 사인진(Syngene) 겔 문서화 시스템을 이용하여 사진을 찍었다.

[0682] 웨스턴 블롯을 위해, 1쌍의 SDS-PAGE 겔을 생성하고, 단백질을 니트로셀룰로스 막으로 전기블롯팅하였다. 막을 PBS 중의 2% 소 혈청 알부민으로 블록킹하고 바이오틴화된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠)와 함께 항온처리하였다. 이차 시약으로서 스트렙타비딘 알카리성 포스파테이즈 접합체(DAKO)를 사용하였다. BCIP/NBT 기질 용액(피어스)을 사용하여 블롯을 현상하였다.

[0683] 도 31, 32 및 33에 나타낸 바와 같이, 전술된 바와 같은 인간 CD3 펩티드 친화성 컬럼의 사용은 이중특이적 단일쇄 분자가 세포 배양물 상청액으로부터 매우 효율적으로 정제되게 한다. 따라서, 이중특이적 단일쇄 분자에 함유된 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체는 그의 특이적 결합 성질을 통해 오로지 정제 목적을 위해 부착되는 임의의 태그를 필요로 하지 않으면서 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 효율적이고 일반적인 1-단계 정제 방법을 가능하게 한다.

[0684] 18. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 일반적인 약물동력학적 분석

[0685] 18.1. 약물동력학적 분석에서 사용될 1 내지 27 CD3-Fc의 제조

[0686] 인간 면역글로불린 IgG1의 힌지 영역 및 Fc 감마 영역에 융합된 인간 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 코딩 서열은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 수득하였다(재조합 융합 단백질의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 309 및 310에 기재되어 있음). 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드를 함유하고, 이어서 성숙 인간 CD3 엡실론 쇄의 세포외 부분의 처음 27개 아미노산에 이어서 인간 IgG1의 힌지 영역 및 Fc 감마 부위의 코딩 서열 및 정지 코돈을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다. 또한, 유전자 합성 단편은 상기 실시예 3.1에 기재된 바와 같이 디자인되고 클로닝되었다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 상기 실시예 9에 기재된 바와 같이 수행하였다. 융합 단백질의 단리를 위해, 염소 항-인간 Fc 친화성 컬럼을, 소, 말 및 마우스 혈청 단백질과의 최소 교차-반응을 보이는 상업적으로 입수가능한 친화성 정제된 염소 항-인간 IgG Fc 단편 특이적 항체를 사용하여 표준 프로토콜에 따라 제조하였다(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드). 이 친화성 컬럼을 사용하여 악타 익스플로어 시스템(지이 아머샴) 상에서 세포 배양물 상청액으로부터 융합 단백질을 단리하고 시트르산으로 용출하였다. 용출물을 중화시키고 농축하였다.

[0687] 18.2. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자에 대한 약물동력학적 분석

[0688] 이 분석은 섹터 이머저 장치(MSD) 상에서 측정된 탄소 플레이트에 대한 루테늄 표지된 검출을 이용하는 ECL-ELISA 기법을 기초로 한다. 제1 단계에서, 탄소 플레이트(MSD 하이 본드 플레이트 96웰 카달로그 번호: L15xB-3)를 실시예 18.1에 기재된 정제된 1 내지 27 CD3-Fc 50 ng/㎖로 웰 당 5 ㎕씩 코딩하였다. 이어서, 플레이트를 25℃에서 밤새 건조하였다. 그 후, 플레이트를 진탕하면서(700 rpm) 25℃의 항온처리기 내에서 웰 당 150 ㎕/의 농도로 PBS 중의 5% BSA(Paesel&Lorei #100568)로 1시간 동안 블록킹하였다. 다음 단계에서, 플레이트를 PBS 중의 0.05% 트윈으로 3회 세척하였다. PBS 중의 50% 짧은꼬리 원숭이 혈청에서 표준 곡선을 본 분석에서 검출된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자 100 ng/㎖부터 시작되는 일련의 1:4 희석을 통해 수득하였다. 예측된 샘플 혈청 농도에 의존하는 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자 1 ng/㎖부터 50 ng/㎖까지 질 조절(QC) 샘플을 PBS 중의 50% 짧은꼬리 원숭이 혈청에서 제조하였다. 표준물, QC 또는 비공지된 샘플을 웰 당 10 ㎕로 탄소 플레이트로 옮기고 진탕하면서(700 rpm) 25℃의 항온처리기 내에서 90분 동안 항온처리하였다. 그 다음, 플레이트를 PBS 중의 0.05% 트윈으로 3회 세척하였다. 검출을 위해, 웰 당 25 ㎕의 펜타-His-바이오틴 항체(퀴아젠, PBS 중의 0.05% 트윈 중의 200 ㎍/㎖)를 첨가하고 진탕하면서(700 rpm) 25℃의 항온처리기 내에서 1시간 동안 항온처리하였다. 제2 검출 단계에서, 웰 당 25 ㎕의 스트렙타비딘-설포태그 용액(MSD; 카달로그 번호: R32AD-1; Lot: W0010903)을 첨가하고 진탕하면서(700 rpm) 25℃의 항온처리기 내에서 1시간 동안 항온처리하였

다. 이어서, 플레이트를 PBS 중의 0.05% 트윈으로 3회 세척하였다. 마지막으로, 웰 당 150 ㎕의 MSD 판독 완충제(MSD, 카달로그 번호: R9ZC-1)를 첨가하고, 플레이트를 섹터 이미저 장치에서 판독하였다.

[0689] 도 34 및 35는 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자에 대한 짧은꼬리 원숭이의 혈청 샘플 중의 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 검출 용이성을 보여준다. 따라서, 이중특이적 단일쇄 분자에 함유된 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체는 그의 특이적 결합 성질을 통해 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 검출을 위한 고도로 민감한 일반적인 분석을 가능하게 한다. 전술된 상기 분석은 약물 개발을 위해 필요하고 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 임상적 적용과 관련하여 환자 샘플의 측정을 위해 용이하게 변경될 수 있는 공식적인 독성 연구의 내용에서 사용될 수 있다.

[0690] 19. 시아노몰구스 원숭이의 EpCAM에 융합된 다양한 비-침팬지 영장류의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 재조합 경막 융합 단백질(1 내지 27 CD3-EpCAM)의 생성

[0691] 19.1. 1 내지 27 CD3-EpCAM의 클로닝 및 발현

[0692] CD3 엡실론을 다양한 비-침팬지 영장류(마모셋, 타마린, 다람쥐 원숭이) 및 돼지로부터 단리하였다. 플래그 태그가 부착된 시아노몰구스 EpCAM 의 N-말단에 융합된 성숙 인간, 흔한 마모셋(칼리트릭스 자쿠스), 코튼탑 타마린(사귀너스 오에디퍼스), 흔한 다람쥐 원숭이(사이미리 시우레우스) 및 가축 돼지(수스 스크로파; 음성 대조군으로서 사용됨)의 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 코딩 서열은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 수득하였다(재조합 융합 단백질의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 231 내지 240에 기재되어 있음). 유전자 합성 단편은 표적 발현 벡터에 이미 존재하는 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열과 정확한 리딩 프레임으로 융합되게 하는 BsrGI 부위를 함유하고, 이어서 성숙 CD3 엡실론 쇄의 세포이 부분의 N-말단 1 내지 27 아미노산의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 플래그 태그의 코딩 서열에 이어서 성숙 시아노몰구스 EpCAM 경막 단백질의 코딩 서열을 인-프레임으로 함유하도록 디자인되었다. 또한, 유전자 합성 단편은 융합 단백질을 코딩하는 cDNA의 말단에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 BsrGI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 이어서, 유전자 합성 단편을 BsrGI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음))의 유도체 내로 클로닝하였다. 상기 유도체는 표준 프로토콜에 따라 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열을 이미 함유하고 있다. 서열 검증된 플라스미드를 사용하여 DHFR-결여 CHO 세포를 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[0693] 형질감염체는 표준 프로토콜에 따른 FACS 분석을 통해 재조합 경막 단백질의 세포 표면 발현에 대해 시험되었다. 이를 위해, $2.5x10^5$개 세포를 2% FCS가 함유된 PBS 중의 5 ㎍/㎖의 농도로 항-플래그 M2 항체(시그마-알드리치 케미 게엠베하, 독일 타우프키르켄 소재) 50 ㎕와 함께 항온처리하였다. 결합된 항체는 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 유세포 분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다. 시아노몰구스 EpCAM, 및 인간, 마모셋, 타마린, 다람쥐 원숭이 및 돼지 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 구성된 플래그 태그 부착된 재조합 경막 융합 단백질의 발현이 형질감염된 세포 상에서 각각 명확히 검출될 수 있었다(도 36).

[0694] 19.2. IgG1 항체 형태의 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체 I2C HL의 클로닝 및 발현

[0695] 종간 특이적 단일쇄 항-CD3 항체의 결합의 개선된 검출 수단을 제공하기 위해, I2C VHVL 특이성을 뮤린 IgG1 및 뮤린 카파 불변 영역을 가진 IgG1 항체로 전환시킨다. IgG 항체의 중쇄를 코딩하는 cDNA 서열을 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 수득하였다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드를 함유하고, 이어서 중쇄 가변 영역 또는 경쇄 가변 영역의 코딩 서열에 이어서 진뱅크에 공개된(검색 번호 AB097849) 뮤린 IgG1의 중쇄 불변 영역의 코딩 서열 또는 진뱅크에 공개된(검색 번호 D14630) 뮤린 카파 경쇄 불변 영역의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유

하도록 디자인되었다. 제한 부위를 융합 단백질을 코딩하는 cDNA의 시작 부분 및 종결 부분에 도입하였다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 이어서, 유전자 합성 단편을 EcoRI 및 SalI을 통해 표준 프로토콜에 따라 중쇄 구축물을 위해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음)) 내로 클로닝하고 경쇄 구축물을 위해 플라스미드 pEF-ADA(pEF-ADA는 상기 문헌(Raum et al.)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 서열 검증된 플라스미드를 사용하여 DHFR-결여 CHO 세포 내로의 경쇄 구축물 및 중쇄 구축물의 동시-형질감염에 사용하여 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 상기 문헌(Kaufmann R.J. (1990))에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시키고 데옥시코포르마이신(dCF)을 최종 농도 300 nM dCF까지 증가시킴으로써 유도하였다. 2회 계대의 정지상 배양 후, 세포 배양물 상청액을 모아 후속 실험에서 사용하였다.

[0696] 19.3. IgG1 항체 형태의 종간 특이적 항-CD3 단일쇄 항체 I2C H와 1 내지 27 CD3-EpCAM의 결합

[0697] *실시예 19.1에 기재된 바와 같이 시아노몰구스 EpCAM에 융합된 인간, 마모셋, 타마린 및 다람쥐 원숭이 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산과 생성된 I2C IgG1 구축물의 결합을 표준 프로토콜에 따라 FACS 분석에서 시험하였다. 이를 위해, $2.5x10^5$개 세포를 실시예 19.2에 기재된 바와 같이 I2C IgG1 구축물을 함유하는 세포 배양물 상청액 50 ㎕와 함께 항온처리하였다. 항체의 결합은 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0698] 도 37에 나타낸 바와 같이, I2C IgG1 구축물과, 시아노몰구스 EpCAM에 융합된 인간, 마모셋, 타마린 및 다람쥐 원숭이 CD3 엡실론 쇄의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 구성된 재조합 경막 융합 단백질을 발현하는 형질감염체의 결합을 시아노몰구스 EpCAM에 융합된 돼지의 CD3 엡실론의 N-말단 1 내지 27 아미노산으로 구성된 음성 대조군과 비교하여 관찰하였다. 따라서, I2C의 다중-영장류 종간 특이성이 입증되었다. 항-플래그 M2 항체 및 I2C IgG1 구축물을 사용하여 수득한 신호는 필적할만하였는데, 이는 CD3 엡실론의 N-말단 아미노산 1 내지 27에 대한 종간 특이적 이중특이적 I2C의 강한 결합 활성을 입증한다.

[0699] 20. 종간 특이적 항-CD3 결합 분자 I2C와 N-말단 His6 태그를 갖거나 갖지 않는 인간 CD3 엡실론 쇄의 결합

[0700] CD3 엡실론에 대한 특이성을 나타내는 실시예 19.2에 기재된 결합 특이성 I2C를 가진 키메라 IgG1 항체를 N-말단 His6 태그를 갖거나 갖지 않는 인간 CD3 엡실론과의 결합에 대해 시험하였다. 실시예 6.1에 기재된 His6-인간 CD3 엡실론 및 실시예 5.1에 기재된 야생형 인간 CD3 엡실론 각각으로 형질감염된 EL4 세포주와 항체의 결합을 표준 프로토콜에 따라 FACS 분석으로 시험하였다. $2.5x10^5$개 세포의 형질감염체를 I2C IgG1 구축물을 함유하는 세포 배양물 상청액 50 ㎕ 또는 2% FCS가 함유된 PBS 중에 5 ㎍/㎖의 농도로 함유된 대조군 항체 50 ㎕와 함께 항온처리하였다. 음성 대조군으로서 적절한 동형 대조군을 사용하고 구축물의 발현을 위한 양성 대조군으로서 CD3 특이적 항체 UCHT-1을 사용하였다. His6 태그의 검출은 펜타 His 항체(퀴아젠)를 사용하여 수행하였다. 항체의 결합은 2% FCS가 함유된 PBS로 1:100으로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)(잭슨 이뮤노리서치 유럽 리미티드, 영국 수폴크 뉴마켓 소재)로 검출하였다. 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0701] 형질감염체 둘다에 대한 항-인간 CD3 항체 UCHT-1의 필적할만한 결합은 구축물의 거의 동등한 수준의 발현을 입증한다. 펜타 His 항체의 결합은 His6 태그가 His6-인간 CD3 구축물 상에는 존재하지만 야생형 구축물 상에는 존재하지 않음을 확인시켜 주었다.

[0702] 야생형 인간 CD3 엡실론으로 형질감염된 EL4 세포주와 비교할 때, I2C IgG1 구축물과 N-말단 His6 태그를 가진 인간 CD3 엡실론의 결합의 분명한 상실이 검출되었다. 이 결과는 CD3 엡실론의 자유 N-말단이 종간 특이적 항-CD3 결합 특이성 I2C와 인간 CD3 엡실론 쇄의 결합에 필수적임을 보여준다(도 28).

[0703] 21. CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[0704] 21.1. CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[0705] 일반적으로, 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인, 및 인간 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 6에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[0706] [표 6]

항-CD3 및 항-CD33 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

[0707]

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
316/315	I2CHLxAF5HL
314/313	F12QHLxAF5HL
312/311	H2CHLxAF5HL

[0708] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33에 대한 종간 특이성을 나타내는 가변 중쇄(VH) 및 가변 경쇄(VL) 도메인, 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 VH 및 VL 도메인을 포함하는 상기 구축물은 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 MCSP 및 CD3 종간 특이적 단일쇄 구축물에 대해 실시예 9에 기재된 절차와 유사하게 디자인되었다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포 내에서의 진핵 단백질 발현도 MCSP 및 CD3 종간 특이적 단일쇄 구축물에 대해 실시예 9에 기재된 바와 같이 수행하였고 후속 실험에 사용하였다.

[0709] 21.2. CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[0710] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33 및 CD3에 결합하는 능력에 대해 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD33 세포외 도메인을 발현하는 CHO 세포를 사용하여 실시예 10에서 MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 분석에 대해 기재된 분석과 유사하게 FACS 분석을 수행하였다(실시예 16.1 및 16.2 참조).

[0711] 인간 및 비-침팬지 영장류 CD33에 대한 종간 특이성, 및 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 전술된 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 41에 도시된 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군과 비교할 때 CD3 및 CD33에의 결합을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 CD33의 종간 특이성이 입증되었다.

[0712] 21.3 CD33 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[0713] 생성된 이중특이적 항체의 생체활성은 실시예 16.1 및 16.2에 기재된 CD33 양성 세포주를 사용한 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출로 분석하였다. 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 도면에 표시된 바와 같이 이펙터 세포로서 사용하였다. 세포독성 분석은 인간 또는 짧은꼬리 원숭이 CD33 세포외 도메인(실시예 16.1 및 16.2 참조)을 발현하는 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하여 실시예 11에서 MCSP 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 생체활성 분석에 대해 기재된 절차와 유사하게 수행하였다.

[0714] 도 42에 나타낸 바와 같이, 생성된 종간 특이적 이중특이적 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 인간 CD33 양성 표적 세포에 대한 세포독성, 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 CD33 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타낸다.

[0715] 22. 순환하는 혈액 세포에 존재하지 않는표적 분자에 대해 유도된 보편적인 이중특이적 CD3 결합 분자에의 노출 시 순환하는 침팬지 T 세포의 재분포

[0716] 단일쇄 EpCAM/CD3-이중특이적 항체 구축물을 투여량을 증가시키면서 단일 수컷 침팬지에 정맥내 투여하였다(Schlereth (2005) Cancer Res 65: 2882). 보편적인 단일쇄 CD19/CD3-이중특이적 항체 구축물(Loffler (2000, Blood, Volume 95, Number 6) 또는 국제특허출원 공개 제WO 99/54440호)과 유사하게, 상기 EpCAM/CD3-구축물의 CD3 아암도 인간 및 침팬지 CD3의 보편적인 환경-의존적인 에피토프에 대해 유도되었다. 0일째 날, 동물은 시험 물질 없이 PBS/5% HSA 50 ㎖를 투여받은 후, 7일, 14일, 21일 및 28일째 날 PBS/5% HSA 50 ㎖와 함께 각각

1.6, 2.0, 3.0 및 4.5 ㎍/kg의 단일쇄 EpCAM/CD3-이중특이적 항체 구축물을 투여받았다. 관주 기간은 투여 당 2시간이었다. 매주 관주를 위해, 침팬지에게 2 내지 3 mg/kg의 텔라졸을 근육내로 투여하여 진정시키고, 튜브 내에 넣고 안정한 평균 혈압을 유지하면서 이소플루란/O_2 마취 상태 하에 두었다. 제2 정맥내 카테터를 반대쪽 사지에 배치하여 순환하는 혈액 세포의 FACS 분석을 위해 도 43에 기재된 시점에서 (헤파린 처리된) 전혈 샘플을 채취하였다. 표준 적혈구 용해 후, T 세포를 침팬지 CD2와 반응하는 FITC-표지된 항체(벡톤 딕킨슨)로 염색하고, 총 림프구 당 T 세포의 백분율을 유세포분류로 측정하였다. 도 43에 나타낸 바와 같이, 단일쇄 EpCAM/CD3-이중특이적 항체 구축물의투여 모두가 순환하는 표적 B (림프종) 세포를 본질적으로 갖지 않는 B-NHL 환자에서 단일쇄 CD19/CD3-이중특이적 항체 구축물에서 관찰된 바와 같이 순환하는 T 세포의 급격한 하강을 유도하였다. 인간 및 침팬지의 순환하는 혈액에 EpCAM 양성 표적 세포가 존재하지 않기 때문에, 단일쇄 EpCAM/CD3-이중특이적 항체 구축물에의 노출 시 순환하는 T 세포의 하강은 T 세포가 임의의 표적 세포-매개된 가교결합의 부재 하에 보편적인 환경-의존적인 CD3 에피토프와 상기 구축물의 CD3 아암의 순수한 상호작용을 통해 받는 신호에만 기인할 수 있다. 순환하는 표적 B (림프종) 세포를 본질적으로 갖지 않는 B-NHL 환자에서 단일쇄 CD19/CD3-이중특이적 항체 구축물에의 노출을 통해 유도된 T 세포의 재분포와 유사하게, 단일쇄 EpCAM/CD3-이중특이적 항체 구축물에의 노출 시 침팬지에서의 T 세포 재분포는 혈관 내피에의 T 세포 부착의 일시적인 증가를 초래하는 환경-의존적인 CD3 에피토프에의 결합 사건 후 CD3의 입체구조적 변화에 의해 설명될 수 있다(실시예 13 참조). 이 발견은 환경-의존적인 CD3 에피토프에 대해 유도된 보편적인 CD3 결합 분자는 이 상호작용을 통해서만 실시예 13에 기재된 바와 같이 인간에서 CNS 부작용의 위험과 관련되어 있는 말초혈 T 세포의 재분포 패턴을 야기할 수 있음을 확인시켜 준다.

[0717] 23. scFv 클론과 인간 CD3 엡실론의 N-말단의 특이적 결합

[0718] 23.1. 에스케리키아 콜라이 XL1 블루에서 scFv 구축물의 박테리아 발현

[0719] 전술한 바와 같이, VL- 및 VH-분절을 함유하는 pComb3H5Bhis/플래그로 형질전환된 에스케리키아 콜라이 XL1 블루는 유전자 III 단편의 절단 및 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. scFv 쇄는 기능성 입체구조로 폴딩될 때 원형질막공간 내로 배출된다.

[0720] 하기 scFv 클론이 이 실험을 위해 선택되었다:

[0721] i) 국제특허출원 공개 제WO 2004/106380호에 기재된 scFvs 4-10, 3-106, 3-114, 3-148, 4-48, 3-190 및 3-2710; 및

[0722] ii) 본원에 기재된 인간 항-CD3 엡실론 결합 클론 H2C, F12Q 및 I2C으로부터의 scFv.

[0723] 원형질막공간 제제를 위해, 원형질막공간 발현을 가능하게하는 scFv 함유 플라스미드로 형질전환된 박테리아 세포를 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지에서 생장시키고 수거 후 PBS에 재용해시켰다. -70℃에서의 동결 및 37℃에서의 해동으로 구성된 순환을 4회 수행함으로써 박테리아의 외막을 삼투압 충격으로 파괴시키고, scFv를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액 내로 방출시켰다. 원심분리를 통해 온전한 세포 및 세포 데브리스를 제거한 후, 인간 항-인간 CD3-scFv를 함유하는 상청액을 수거하여 추가 연구에 사용하였다. scFv를 함유하는 미정제 상청액은 원형질막공간 제제(PPP)로 지칭될 것이다.

[0724] 23.2. scFv와 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-Fc 융합 단백질의 결합

[0725] 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-Fc 융합 단백질을 전형적으로 4℃에서 96웰 플라스틱 플레이트(넌크, 맥시소브)의 웰에 밤새 코팅함으로써 ELISA 실험을 수행하였다. 이어서, 항원 코팅 용액을 제거하고, 웰을 PBS/0.05% 트윈 20으로 1회 세척한 후 PBS/3% BSA로 1시간 이상 동안 블록킹하였다. 블록킹 용액을 제거한 후, PPP 및 대조 용액을 웰에 첨가하고 실온에서 전형적으로 1시간 동안 항온처리하였다. 이어서, 웰을 PBS/0.05% 트윈 20으로 3회 세척하였다. 고정된 항원에 결합된 scFv의 검출은 바이오틴-표지된 항-플래그 태그 항체(M2 항-플래그-바이오, 시그마, 전형적으로 최종 농도 1 ㎍/㎖ PBS)를 사용하여 수행하고, 퍼록시데이즈-표지된 스트렙타비딘(디아노바, 1 ㎍/㎖ PBS)으로 검출하였다. ABTS 기질 용액을 첨가하여 신호를 발생시키고 신호를 405 nm의 파장에서 측정하였다. 시험 샘플과 블록킹제의 비-특이적 결합 및/또는 시험 샘플과 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-Fc 융합 단백질의 인간 IgG1 부분의 비-특이적 결합은 인간 IgG1(시그마)로 코팅된 ELISA 플레이트 상에서 동일한 시약 및 동일한 시간을 이용하여 동일한 분석을 수행함으로써 조사하였다. PBS는 음성 대조군으로서 사용되었다.

[0726] 도 44에 나타낸 바와 같이, scFvs H2C, F12Q 및 I2C는 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-Fc 융합 단백질에

대한 강한 결합 신호를 보인다. 인간 scFvs 3-106, 3-114, 3-148, 3-190, 3-271, 4-10 및 4-48(국제특허출원 공개 제WO 2004/106380호에 기재되어 있음)은 음성 대조군 수준 이상의 어떠한 유의한 결합을 보이지 못한다.

[0727] cFvs H2C, F12Q 및 I2C와 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-Fc 융합 단백질로 코팅된 웰의 양성 결합은 BSA(블록킹제로서 사용됨) 및/또는 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-Fc 융합 단백질의 인간 IgG1 Fc-감마 부분과의 결합에 기인할 수 있는 가능성을 배제하기 위해, 제2 ELISA 실험을 동시에 수행하였다. 이 제2 ELISA 실험에서, 모든 파라미터는 제1 ELISA 실험에서의 파라미터와 동일하되, 제2 ELISA 실험에서 인간 IgG1(시그마)이 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-Fc 융합 단백질 대신에 코팅되었다. 도 45에 나타낸 바와 같이, 시험된 scFv 중 어떠한 것도 BSA 및/또는 인간 IgG1에 대해 배경 수준 이상의 어떠한 유의한 결합도 보이지 못하였다.

[0728] 또한, 이 결과로부터 CD3 엡실론의 환경-의존적인 에피토프를 인식하는 보편적인 CD3 결합 분자(예를 들어, 국제특허출원 공개 제WO 2004/106380호에 개시되어 있음)가 인간 CD3 엡실론(아미노산 1 내지 27)-영역에 특이적으로 결합하지 못하는 반면, CD3 엡실론의 환경-독립적인 에피토프에 결합하는 scFvs H2C, F12Q 및 I2C가 인간 CD3 엡실론의 N-마단 27개 아미노산에 대한 특이적 결합을 명확히 보인다는 결론이 도출된다.

[0729] 24. PSCA 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 생성 및 특징규명

[0730] 24.1. 인간 PSCA를 발현하는 CHO 세포의 생성

[0731] 진뱅크에 공개된 인간 PSCA의 코딩 서열(검색 번호 NM_005672)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드를 함유하고, 이어서 플래그 태그의 코딩 서열을 함유하고, 이어서 성숙 인간 PSCA 단백질의 코딩 서열 및 정지 코돈을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다(구축물의 상응하는 서열은 서열번호 443 및 444에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[0732] 24.2. 짧은꼬리 원숭이 PSCA를 발현하는 CHO세포의 생성

[0733] 짧은꼬리 원숭이 PSCA의 cDNA 서열은 표준 프로토콜에 따라 제조된 짧은꼬리 원숭이(시아노몰구스) 전립선의 cDNA에 대해 PCR 반응을 수행하여 수득하였다. 하기 반응 조건 및 하기 프라이머가 사용되었다: 94℃에서 2분, 1주기; 94℃에서 1분, 55℃에서 1분 및 72℃에서 2분, 40주기; 및 이어서 72℃에서 3분, 마지막 주기.

[0734] 전방향 프라이머: 5'- CACCACAGCCCACCAGTGACC -3'(서열번호 447)

[0735] 역방향 프라이머: 5'- GAGGCCTGGGGCACCACACCC -3'(서열번호 448)

[0736] PCR 반응은 PCR 등급의 베타인을 최종 농도 1 M로 첨가하여 수행하였다. 상기 PCR은 PCR 프라이머를 사용하는 표준 프로토콜에 따라 단리되고 서열분석되는 DNA 단편을 생성함으로써 짧은꼬리 원숭이 PSCA를 코딩하는 cDNA 서열을 제공하였다. 짧은꼬리 원숭이 PSCA의 발현을 위한 구축물을 생성하기 위해, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 cDNA 단편을 수득하였다(상응하는 서열은 서열번호 445 및 446에 기재되어 있음). 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드를 함유하고, 이어서 플래그 태그의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 성숙 짧은꼬리 원숭이 PSCA의 코딩 서열 및 정지 코돈을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다. 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 그 다음, 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 이 플라스미드의 서열 검증된 클론을 사용하여 전술한 바와 같이 CHO/DHRF-결여 세포를 형질감염시켰다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook,

Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[0737] 24.3. PSCA 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 생성

[0738] 종간 특이적 PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 클로닝

[0739] 일반적으로, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 PSCA에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 7에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[0740] [표 7]

항-CD3 및 항-PSCA 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
390/389	PSCA1HLxI2CHL
422/421	PSCA3HLxI2CHL
440/439	PSCA4HLxI2CHL
392/391	PSCA1LHxI2CHL
406/405	PSCA2LHxI2CHL
424/423	PSCA3LHxI2CHL
442/441	PSCA4LHxI2CHL
1227/1226	PC16E12HLxI2CHL
1199/1198	PC32D5HLxI2CHL
1185/1184	PC32B8HLxI2CHL
1241/1240	PC08F4HLxI2CHL
1213/1212	PC17D10HLxI2CHL
1269/1268	PC17H10HLxI2CHL
1255/1254	PC16F5HLxI2CHL

[0741]

[0742] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA에 대한 종간 특이성을 나타내는 가변 중쇄(VH) 및 가변 경쇄(VL) 도메인, 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 VH 및 VL 도메인을 포함하는 상기 구축물은 유전자 합성에 의해 수득되었다. MCSP 및 CD3 종간 특이적 단일쇄 구축물에 대해 실시예 9에 기재된 절차와 유사하게 유전자 합성 단편을 디자인하고 진핵 단백질 발현을 수행하였다.

[0743] 24.4. PSCAxCD3 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 발현 및 정제

[0744] 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 전술된 바와 같이 CHO 세포 또는 HEK293 세포에서 발현시켰다. 발현된 이중특이적 단일쇄 항체의 단리 및 분석도 실시예 9에 전술되어 있다.

[0745] 24.5. PSCA 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[0746] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA 및 CD3에 결합하는 능력에 대해 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, FACS 분석을 수행하였다. 이를 위해, 실시예 24.1에 기재된 바와 같인 인간 PSCA로 형질감염된 CHO 세포 및 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483)를 사용하여 인간 항원과의 결합을 시험하였다. 짧은꼬리 원숭이 항원에 대한 결합 반응성은 실시예 24.2에 기재된 생성된 짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염체 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx(피켄쉐르(Fickenscher) 교수(Hygiene Institute, Virology, Erlangen-Nuernberg)에 의해 제공됨; 문헌(Knappe A, et al., and Fickenscher H., Blood 2000, 95, 3256-61)에 기재되어 있음)를 사용하여 시험하였다. 200,000개 세포의 세포주 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 세포 배양물 상청액 50 ㎕와 함께 30분 동안 항온처리하였다. 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출

하였다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0747] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트(CellQuest) 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0748] PSCA 및 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 46 및 48에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물들이 음성 대조군과 비교할 때 CD3 및 PSCA와의 결합을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[0749] 24.6. PSCA 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[0750] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, 실시예 24.1에 기재된 바와 같이 인간 PSCA로 형질감염된 CHO 세포, 및 실시예 24.1에 기재된 바와 같이 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO 세포를 사용하여 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출을 통해 분석하였다. 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC 또는 자극된 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였다.

[0751] 자극된 인간 PBMC의 생성은 실시예 11에 기재되어 있다.

[0752] 표적 세포를 준비하고 실시예 11에서 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 기재된 절차와 유사하게 분석을 수행하였다.

[0753] 도 47 및 49에 나타낸 바와 같이, 생성된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 인간 PSCA 양성 표적 세포에 대한 세포독성, 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 PSCA 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다.

[0754] 24.7. 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 및 PSCA에 대해 유도된 이중특이적 단일쇄 항체 구축물

[0755] 인간 항체 생식세포주 VH 서열 VH1 1-f(를 CDR-H1(서열번호 414), CDR-H2(서열번호 415) 및 CDR-H3(서열번호 416)에 대한 골격 환경으로서 선택하였다. 유사하게, 동일한 인간 항체 생식세포주 VH 서열을 CDR-H1(서열번호 400), CDR-H2(서열번호 401) 및 CDR-H3(서열번호 402)에 대한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VH 각각을 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. VH1 1-f의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[0756] 5' P3-VH-A-XhoI

[0757] CCT GAT CTC GAG AGC GGC SCA GAS STG RAA AAG CCA GGC GCC ACG GTG AAG ATT(서열번호 449)

[0758] 5' P3-VH-B

[0759] GGC GCC ACG GTG AAG ATT TCC TGC AAG SYC AGC GGC WAC ACG TTC ACC GGC TAC TAC ATC CAC TGG GTG(서열번호 450)

[0760] 3' P3-VH-C

[0761] GTA GGA GGT GAA GCC GTT GTT GGG GTC CAC TCT GCC SAT CCA TTC CAG GCY CTT CCC GKG GGM CTG TTK CAC CCA GTG GAT GTA GTA(서열번호 451)

[0762] 5' P3-VH-D

[0763] AAC GGC TTC ACC TCC TAC AAC CAG AAG TTC AAG GGC ARG GYC AYA MTK ACC GYG GAC AMG AGC ACC RRC ACC GCC TAC ATG GAA CTG(서열번호 452)

[0764] 3' P3-VH-E

[0765] GCT GTC GAA GAA GTT GCC CRC GCA ATA GTA CAC GGC GGT GTC CTC GCT GSK CAG GCT KCT CAG TTC CAT GTA GGC GGT(서열번호 453)

[0766] 3' P3-VH-F-BstEII

[0767] CAC GTC GGT GAC CGT GGT TCC CTG GCC CCA GCT GTC GAA GAA GTT GCC(서열번호 454)

[0768] VH1 1-f에 대한 올리고뉴클레오티드의 또 다른 세트로서 하기 프라이머가 사용된다:

[0769] 5'-PSCA2VH-A-XHO1

[0770] CAG GTG CTCGAG YCA GGC GCC GAA STG RWG AAG CCT GGC GCC MCA GTG AAG MTA TCC TGC AAG GYC AGC GGC TAC ACC TTC ACC AAC(서열번호 455)

[0771] 3'-PSCA2VH-B

[0772] GCT GTC GCT GGG GTC GAT CCT GCC YAT CCA TTC CAG GCC CYT GCC GGG CSY CTG TTK CAC CCA GTT CAG CCA GTA GTT GGT GAA GGT GTA GCC(서열번호 456)

[0773] 5'-PSCA2VH-C

[0774] AGG ATC GAC CCC AGC GAC AGC GAG ATC CAC TAC GAC CAG AAG TTC AAG GAC ARA GYC ACC MTA ACC GYG GAC AMG AGC ACC RRC ACC GCC TAC(서열번호 457)

[0775] 3'-PSCA2VH-D

[0776] GGC CAG GGC GCA ATA GTA CAC GGC GGT GTC CTC GCT TST CAG GCT GGA CAG CTS SAT GTA GGC GGT GYY GGT GCT C(서열번호 458)

[0777] 3'-PSCA2VH-E-BSTE2

[0778] AGA CAC GGT GAC CGT GGT GCC CTG GCC CCA GTA GGC CAT GGC GTA GAT GCC GGT CAG GGC GCA ATA GTA CAC(서열번호 459)

[0779] 이 프라이머 세트 각각은 전체 상응하는 VH 서열을 커버한다.

[0780] 각각의 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[0781] 이어서, VH PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VH의 경우 약 350 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VH DNA 단편을 증폭하였다.

[0782] 인간 항체 생식세포주 VL 서열 VkII A1(http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/)을 CDR-L1(서열번호 409), CDR-L2(서열번호 410) 및 CDR-L3(서열번호 411)을 위한 골격 환경으로서 선택하였다. 유사하게, 인간 항체 생식세포주 VL 서열 VkII A19(http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/)를 CDR-L1(서열번호 395), CDR-L2(서열번호 396) 및 CDR-L3(서열번호 397)을 위한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VL 각각을 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. 추후 올리고뉴클레오티드 내에서의 클로닝에 필요한 제한 부위는 결실된다. VkII A1의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[0783] 5' P3-VL-A-SacI

[0784] CCT GTA GAG CTC GTC ATG ACC CAG TCC CCC CTG TCC CTG MSC GTG ACC MTC GGC CAG CCA GCC AGC ATC(서열번호 460)

[0785] 3' P3-VL-B

[0786] CCA GTT CAG GTA GGT CTT GCC GTC GCT GTC CAG CAG GGA CTG GCT GGA CTT GCA AGA GAT GCT GGC TGG CTG GCC(서열번호 461)

[0787] 5' P3-VL-C

[0788] AAG ACC TAC CTG AAC TGG YTS CWG CAG AGG CCA GGC CAG AGC CCC ARG AGG CTG ATC TAC CTG GTG TCC ACC CTG(서열번호 462)

[0789] 3' P3-VL-D

[0790] GGT GAA GTC GGT GCC GGA GCC GCT GCC GGA GAA TCT GTC TGG CAC GCC GCT GTC CAG GGT GGA CAC CAG GTA(서열번호 463)

[0791] 5' P3-VL-E

[0792] TCC GGC ACC GAC TTC ACC CTG AAG ATC AGC AGG GTG GAG GCC GAG GAC STG GGC GTG TAC TAC TGC TGG CAG GGC ACC(서열번호 464)

[0793] 3' P3-VL-F-BsiWI/SpeI

[0794] CCA GAC ACT AGT CGT ACG CTT GAT TTC CAG CTT GGT CCC TCC GCC GAA GGT CCT TGG GAA GTG GGT GCC CTG CCA GCA GTA(서열번호 465)

[0795] VkII A19의 경우 올리고뉴클레오티드는 다음과 같다:

[0796] 5'-PSCA2VL-A-SAC1

[0797] CAG ACA GAG CTC GTG ATG ACC CAG KCA SCT CYA AGC STG CCA GTG ACC CCA GGC GAG YCA GYG TCC ATC AGC TGC AGG TCC AGC(서열번호 466)

[0798] 3'-PSCA2VL-b

[0799] CTG GGG GCT CTG GCC TGG CYT CTG CAG AWA CCA GTA CAG GTA GGT GTT GCC GTT GCT GTG CAG CAG GCT CTT GCT GGA CCT GCA GCT GAT G(서열번호 467)

[0800] 5'-PSCA2VL-c

[0801] CCA GGC CAG AGC CCC CAG CTG CTG ATC TAC AGG ATG AGC AAC CTG GCT AGC GGC GTG CCA GAC AGA TTC AGC GGC AGC GGC TCT GGA ACC(서열번호 468)

[0802] 3'-PSCA2VL-d

[0803] CAG GCA GTA GTA CAC GCC CAC GTC CTC GGC CTC CAC CCT GCT GAT CYT CAG GGT GAA GKC GGT TCC AGA GCC GCT GCC(서열번호 469)

[0804] 3'-PSCA2VL-e-BsiW1-Spe1

[0805] GTG CTG ACT AGT CGT ACG CTT GAT TTC CAG CTT GGT CCC TTG GCC GAA GGT GTA GGG GTA TTC CAG GTG CTG CAG GCA GTA GTA CAC GCC(서열번호 470)

[0806] 이 프라이머 세트 각각은 전체 상응하는 VL 서열을 커버한다.

[0807] 각각의 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[0808] 이어서, VL PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VL의 경우 약 330 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VL DNA 단편을 증폭하였다.

[0809] 그 다음, 파지 디스플레이 벡터 pComb3H5Bhis 내에서 최종 VH1 1-f(P3)-기재 VH PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VH의 레파토리)을 최종 VkII A1-기재 VL PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VL의 레파토리)과 조합하고 최종 VH1 1-f(PSCA2)-기재 VH PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VH의 레파토리)을 최종 VkII A19-기재 VL PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VL의 레파토리)과 조합하여, 기능성 scFv로 구성된 2종의 상이한 라이브러리를 형성하였는데, 섬유상 파지 상에서의 디스플레이 후 상기 라이브러리로부터 항-PSCA 결합제가 다음과 같이 선별되고, 스크리닝되고, 동정되고 확인된다.

[0810] 경쇄 단편(SacI 및 SpeI로 절단됨) 450 ng을 파지미드 pComb3H5Bhis(SacI 및 SpeI로 절단됨; 큰 단편) 1400 ng과 라이게이션시켰다. 이어서, 생성된 조합 항체 라이브러리를 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200

Ohm, 바이오라드 진-펄서)으로 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 내로 형질전환시켜 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 라이브러리를 생성하였다. 1시간의 표현형 발현 후, 양성 형질전환체를 액체 수퍼 브로쓰(SB) 밤샘 배양물 100 ㎖ 중에서 pComb3H5BHis 벡터에 의해 코딩된 카베니실린 내성에 대해 선별하였다. 이어서, 세포를 원심분리로 수거하고, 플라스미드 준비를 상업적으로 입수가능한 플라스미드 제제 키트(퀴아젠)를 사용하여 수행하였다.

[0811] VL 라이브러리를 함유하는 이 플라스미드-DNA(XhoI 및 BstEII로 절단됨; 큰 단편) 2800 ng을 중쇄 V 단편(XhoI 및 BstEII로 절단됨) 900 ng과 라이게이션시키고, 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm)으로 전기전능 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 분취액 내로 다시 형질전환시켜 라이브러리 크기가 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 총 VH-VL scFv(단일쇄 가변 단편) 라이브러리를 생성하였다.

[0812] 표현형 발현 및 카베니실린에의 느린 적응 후, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 SB-카베니실린(50 ㎍/㎖) 선별 배지 내로 옮겼다. 그 다음, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 10^{12}개 입자의 감염 투여량의 헬퍼 파지 VCSM 13으로 감염시켜 섬유상 M13 파지를 생성하고 분비시켰는데, 이때 파지 입자는 뮤린 scFv-단편을 코딩하는 단일 가닥 pComb3H5BHis-DNA를 함유하고 파지 코트 단백질 III과의 번역 융합체로서 상응하는 scFv-단백질을 디스플레이하였다. 항체 라이브러리를 디스플레이하는 이러한 파지 풀은 추후에 항원 결합 물질의 선별에 사용되었다.

[0813] 이를 위해, 클로닝된 scFv 레파토리를 보유하는 파지 라이브러리를 PEG8000/NaCl 침전 및 원심분리를 이용하여 배양물 상청액 각각으로부터 수거하였다. 약 10^{11} 내지 10^{12}개의 scFv 파지 입자를 PBS/0.1% BSA 0.4 ㎖에 재현탁시키고 10^5 내지 10^7 PSCA 형질감염된 CHO 세포(실시예 24.1 참조)와 함께 서서히 교반하면서 얼음 상에서 1시간 동안 항온처리하였다. 상기 PSCA 형질감염된 CHO 세포는 원심분리하여 수거하고 PBS에서 세척하고 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)에 재현탁시켰다. PSCA 형질감염된 CHO 세포에 특이적으로 결합하지 않는 scFv 파지는 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)로 최대 5회 세척하여 제거하였다. 세척 후, 세포를 HCl-글리신(pH 2.2)(후속 볼텍싱과 함께 10분 동안 항온처리)에 재현탁시키고 2 M 트라이스(pH 12)로 중화시켜 세포로부터 결합 물질을 용출하고, 용출물을 새로운 비-감염된 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 배양물(OD600 > 0.5)의 감염에 사용하였다. 인간/인간화된 scFv-단편을 코딩하는 파지미드 카피로 성공적으로 형질도입된 에스케리키아 콜라이 세포를 함유하는 에스케리키아 콜라이 배양물을 카베니실린 내성에 대해 다시 선별한 후 VCMS 13 헬퍼 파지로 감염시켜 항체 디스플레이 및 시험관내 선별의 제2 순환을 개시하였다. 통상적으로 총 4 또는 5 순환의 선별을 수행하였다.

[0814] PSCA 특이적 결합제를 스크리닝하기 위해, 4 및 5 순환 패닝에 상응하는 플라스미드 DNA를 선별 후 에스케리키아 콜라이 배양물로부터 단리하였다. 가용성 scFv-단백질의 제조를 위해, VH-VL-DNA 단편을 플라스미드로부터 절단하였다(XhoI-SpeI). 이 단편들을 동일한 제한 부위를 통해 플라스미드 pComb3H5BFlag/His에 클로닝하였는데, 상기 플라스미드 pComb3H5BFlag/His는 발현 구축물(예를 들어, scFv)이 scFv와 His6 태그 사이에 플래그 태그(DYKDDDDK)를 포함하고 추가 파지 단백질이 결실되었다는 점에서 원래의 pComb3H5BHis와 상이하다. 라이게이션 후, 플라스미드 DNA의 풀 각각(팬닝의 상이한 순환)을 열 충격 전능 에스케리키아 콜라이 TG1 또는 XL1 블루 100 ㎕에 형질전환시키고 카베니실린 LB-아가 상에 플레이팅하였다. 단일 콜로니를 LB 카베니실린(50 ㎍/㎖) 100 ㎕ 내로 픽킹하였다.

[0815] VL-분절 및 VH-분절을 함유하는 pComb3H5BHis로 형질전환된 에스케리키아 콜라이는 유전자 III 단편의 절단 및 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. 적절한 신호 서열로 인해 scFv-쇄는 기능성 입체구조로 폴딩되는 원형질막공간 내로 배출된다.

[0816] 원형질막공간 소규모 제제를 위해 형질전환 플레이트로부터 단일 에스케리키아 콜라이 TG1 박테리아 콜로니를 픽킹하고 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지(예를 들어, 10 ㎖)에서 생장시켰다(수거 후 PBS(예를 들어, 1 ㎖)에 재용해시킴). -70℃에서 동결시키고 37℃에서 해동시키는 4 순환을 통해, 박테리아 외막을 열 충격으로 파괴시키고, scFv를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액으로 방출시켰다. 온전한 세포 및 세포 데브리스를 원심분리를 이용하여 제거한 후, 항-PSCA scFv를 함유하는 상청액을 수거하여 다음과 같이 PSCA 특이적 결합제의 동정을 위해 사용하였다:

[0817] scFv와 PSCA의 결합은 PSCA 형질감염된 CHO 세포(실시예 24.1 참조)에 대한 유세포분류로 시험하였는데, 이때

비-형질감염된 CHO 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0818] 유세포분류를 위해, $2.5x10^5$개의 세포를 scFv 원형질막공간 제제 50 ㎕와 함께, 또는 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕ 중의 정제된 scFv 5 ㎍/㎖와 함께 항온처리하였다. scFv의 결합을 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 2 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-His 항체(펜타-His 항체, BSA 무함유, 퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재)로 검출하였다. 제2 단계로서, 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 1:100의 비로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)를 사용하였다. 샘플을 FACSscan(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[0819] 그 다음, 유리한 성질 및 아미노산 서열에 대해 단일 클론을 분석하였다. Gly_4Ser_1-링커를 통해 PSCA 특이적 scFv를 CD3 특이적 scFv I2C(서열번호 185) 또는 본 발명의 임의의 다른 CD3 특이적 scFv와 연결하여 도메인 정렬 VH_{PSCA}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VL_{PSCA}-Gly_4Ser_1-VH_{CD3}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VL_{CD3} 또는 VL_{PSCA}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VH_{PSCA}-Gly_4Ser_1-VH_{CD3}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VL_{CD3} 또는 대안적 도메인 정렬을 갖는 구축물을 생성함으로써 PSCA 특이적 scFv를 재조합 이중특이적 단일쇄 항체로 전환시켰다. CHO 세포에서의 발현을 위해, (i) 코작 컨센서스 서열 내에 묻혀있는 개시 코돈을 포함하는 N-말단 면역글로불린 중소 리더, 및 (ii) C-말단 His6 태그에 이어서 정지 코돈으로 구성된 코딩 서열을 이중특이적 단일쇄 항체를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 인 프레임으로 연결시킨 후, 유전자 합성에 의해 수득된 DNA 단편을 발현 벡터 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150) 내로 삽입시켰다. DHFR-결여 CHO 세포의 안정한 형질감염, 이중특이적 단일쇄 항체를 배양물 상청액 내로 분비하는 DHFR 양성 형질감염체의 선별, 및 발현 농도를 증가시키기 위한 메토트렉세이트를 사용한 유전자 증폭을 문헌((Mack et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (1995) 7021-7025)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 당분야의 현 기술수준의 다른 방법들은 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다.

[0820] 기능성 이중특이적 단일쇄 항체 구축물의 동정은 형질감염된 CHO 세포로부터 수득된 배양물 상청액의 유세포분류 분석으로 수행하였다. 이를 위해, 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483) 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 대해 CD3 결합을 시험하였다. PSCA 형질감염된 CHO 세포(실시예 24.1 참조)에 대해 종양 특이적 PSCA 에피토프와의 결합을 시험하였다. 200,000개 세포의 세포주 각각을 얼음 상에서 세포 배양물 상청액 50 ㎕와 함께 30분 동안 항온처리하였다. 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 2회 세척하고, 결합된 이중특이적 단일쇄 항체 구축물을 뮤린 항-His 항체(펜타 His 항체; 퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 비-형질감염된 CHO 세포의 상청액을 T 세포주에의 결합에 대한 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0821] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0822] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3뿐만 아니라 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA에 대한 이중특이적 결합을 보이는 구축물만이 추가 사용을 위해 선택되었다.

[0823] 단백질 제조를 위해, 완전한 기능성 이중특이적 단일쇄 항체를 발현하고 뉴클레오시드-무함유 HyQ PF CHO 액체 대두 배지(0.1% 플루로닉 F-68과 함께 4.0 mM L-글루타민이 함유됨; 하이클론)에 적응된 CHO 세포를 뉴클레오시드-무함유 HyQ PF CHO 액체 대두 배지(0.1% 플루로닉(Pluronic) F-68과 함께 4.0 mM L-글루타민이 함유됨; 하이클론)가 함유된 롤러 병 내에서 7일 동안 생장시켰다. 원심분리를 통해 배양물 상청액으로부터 세포를 제거하고, 정제할 때까지 -20℃에 저장하였다. 이중특이적 단일쇄 항체의 정제를 위한 크로마토그래피 장치로서, 악타(등록상표) 익스플로러 시스템(지이 헬쓰 시스템스) 및 유니콘(등록상표) 소프트웨어를 이용하였다. 제조자에 의해 제공된 프로토콜에 따라 $ZnCl_2$로 적재된 프락톡겔 EMD 킬레이트(등록상표)(머크)를 사용하여 고정된 금속 친화성 크로마토그래피("IMAC")를 수행하였다. 컬럼을 완충제 A(20 mM 인산나트륨 완충제 pH 7.2, 0.1 M NaCl)로 평형화시키고, 세포 배양물 상청액(500 ㎖)을 3 ㎖/분의 유속으로 상기 컬럼(10 ㎖)에 인가하였다. 상기 컬럼을 완충제 A로 세척하여 비-결합된 샘플을 제거하였다. 결합된 단백질은 하기 단계에 따라 완충제 B(20

mM 인산나트륨 완충제(pH 7.2), 0.1 M NaCl, 0.5 M 이미다졸)의 2 단계 구배를 이용하여 용출하였다:

[0824] 단계 1: 6 컬럼 부피의 20% 완충제 B

[0825] 단계 2: 6 컬럼 부피의 100% 완충제 B

[0826] 단계 2로부터 회수된 단백질 분획을 추가 정제를 위해 풀링하였다. 모든 화학물질은 연구 등급이고 시그마(데이센호펜 소재) 또는 머크(담스타츠 소재)로부터 구입되었다.

[0827] 평형-완충제(25 mM 시트레이트, 200 mM 라이신, 5% 글리세롤, pH 7.2)로 평형화된 하이로드 16/20 수퍼덱스 200 프렙 등급 컬럼(지이/아머샴) 상에서 겔 여과 크로마토그래피를 수행하였다. 용출된 단백질 샘플(유속 1 ㎖/분)에 대해 검출을 위한 표준 SDS-PAGE 및 웨스턴 블롯을 수행하였다. 정제 전, 분자량 측정(분자량 마커 키트, 시그마 MW GF-200)을 위해 컬럼을 보정하였다. 단백질 농도는 OD280 nM를 이용하여 측정하였다.

[0828] 정제된 이중특이적 단일쇄 항체 단백질을, 프리-캐스트 4 내지 12% 비스 트라이스 겔(인비트로겐)을 사용하여 수행된 환원 조건 하의 SDS-PAGE에서 분석하였다. 샘플 준비 및 인가는 제조자에 의해 제공된 프로토콜에 따라 수행하였다. 분자량은 멀티마크 단백질 표준물(인비트로겐)을 사용하여 측정하였다. 겔은 콜로이드 코마시에(인비틀로겐 프로토콜)로 염색하였다. 단리된 단백질의 순도는 SDS-PAGE에 의한 측정 시 95%를 초과하였다.

[0829] 이중특이적 단일쇄 항체의 분자량은 PBS에서의 겔 여과에 의한 측정 시 천연 조건 하에 약 52 kDa이다. 모든 구축물을 이 방법에 따라 정제하였다.

[0830] 제조자에 의해 제공된 프로토콜에 따라 옵티트란(등록상표) BA-S83 막 및 인비트로겐 블롯 모듈을 사용하여 웨스턴 블롯을 수행하였다. 이중특이적 단일쇄 항체 단백질 항체의 검출을 위해, 항-His 태그 항체(펜타 His, 퀴아젠)를 사용하였다. 알칼리성 포스파타제(AP)(시그마)로 표지된 염소-항-마우스 Ig 항체를 이차 항체로서 사용하였고 BCIP/NBT(시그마)를 기질로서 사용하였다. 정제된 이중특이적 단일쇄 항체에 상응하는 52 kD에서 단일 밴드가 검출되었다.

[0831] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 PSCA와 상호작용하는 이중특이적 단일쇄 항체의 인간 및 비-침팬지 영장류 시스템에서의 효능은 PSCA 형질감염된 CHO 세포(실시예 24.1 참조)를 표적 세포로서 사용하고 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하는, ^{51}Cr 방출을 기초로 한 세포독성 분석으로 측정하였다.

[0832] 자극된 인간 PBMC의 생성은 다음과 같이 수행되었다:

[0833] 페트리 디쉬(85 mm 직경, 넌크)를 37℃에서 최종 농도 1 ㎍/㎖의 상업적으로 입수가능한 항-CD3 특이적 항체(예를 들어, OKT3, 오쏘클론(Othoclone))로 1시간 동안 코팅하였다. PBS로 1회 세척하여 비-결합된 단백질을 제거하였다. 표준 프로토콜에 따라 피콜 구배 원심분리를 수행하여 말초혈(30 내지 50 ㎖ 인간 혈액)로부터 새로운 PBMC를 단리하였다. $3x10^7$ 내지 $5x10^7$개의 PBMC를 안정화된 글루타민/10% FCS/IL-2 20 U/㎖(프로류킨, 키론)가 함유된 RPMI 1640 배지 50 ㎖가 함유된 예비코팅된 페트리 디쉬에 첨가하고 2일 동안 자극하였다. 3일째 날, 세포를 수거하여 RPMI 1640으로 1회 세척하였다. IL-2를 20 U/㎖의 최종 농도로 첨가하고, 세포를 전술한 배지와 동일한 세포 배양 배지에서 1일 동안 다시 배양하였다.

[0834] 표적 세포를 PBS로 2회 세척하고 50% FCS가 함유된 RPMI 100 ㎕(최종 부피) 중의 11.1 MBq ^{51}Cr을 사용하여 37℃에서 45분 동안 표지하였다. 이어서, 표지된 표적 세포를 RPMI 5 ㎖로 3회 세척한 후, 세포독성 분석에서 사용하였다. 상기 분석은 E:T 비가 10:1인 보충된 RPMI 250 ㎕(전술된 바와 같음)(최종 부피)가 함유된 96웰 플레이트에서 수행하였다. 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자 1 ㎍/㎖ 및 이의 20배 희석물을 첨가하였다. 분석 시간은 18시간이고, 세포독성은 최대 용해(트라이톤-X의 첨가)와 자연발생적 용해(이펙터 세포의 부재)의 차이와 관련된 상청액 중의 방출된 크롬의 상대적 값으로서 측정되었다. 모든 측정은 4회 반복하여 수행하였다. 상청액 중의 크롬 활성의 측정은 위자드 3" 감마 카운터(퍼킨 엘머 라이프 사이언시스 게엠베하, 독일 퀼른 소재)를 이용하여 수행하였다. 실험 데이터의 분석은 윈도우의 경우 프리즘 4(버전 4.02, 그래프패드 소프트웨어 인코포레이티드, 미국 캘리포니아주 샌 디에고 소재)를 이용하여 수행하였다. S자형 투여 반응 곡선의 R^2 값은 전형적으로 상기 소프트웨어에 의한 측정 시 0.90을 초과하였다. 효능의 척도인 EC_{50} 값은 상기 분석 프로그램으로 계산하였다.

[0835] 25. CD19 및 CD3 종간 특이적 단일쇄 항체 분자의 생성 및 특징규명

[0836] 25.1. CHO 세포 상의 인간 CD19 항원의 클로닝 및 발현

[0837] 인간 CD19의 서열(검색 번호 NM_001770 호모 사피엔스 CD19 분자(CD19), mRNA, 국립 생물공학정보 센터(National Center for Biotechnology Information), http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 유전자 분자를 수득하는 데 사용되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고 DNA의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 발현 플라스미드 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150) 내로의 클로닝 단계에서 사용하였다. 서열 검증 후, 상기 플라스미드를 사용하여 다음과 같이 CHO/DHRF-결여 세포를 형질감염시켰다. 서열 검증된 플라스미드를 사용하여 CHO/DHRF-결여 세포[ATCC 번호 CRL-9096; 안정화된 글루타민(바이오크롬 아게(독일 베를린 소재)로부터 구입됨)을 함유하고, 10% FCS, 1% 페니실린/스트렙토마이신(바이오크롬 아게(독일 베를린 소재)로부터 구입됨) 및 뉴클레오시드(시그마-알드리치 케미 게엠베하(독일 타우프키르켄 소재)로부터 구입된 세포 배양 등급 시약의 저장 용액으로부터 최종 농도 10 ㎍/㎖의 아데노신, 10 ㎍/㎖의 데옥시아데노신 및 10 ㎍/㎖의 티미딘)로 보충된 RPMI 1640에서 37℃, 95% 습도 및 7% CO_2의 항온처리기 내에서 배양됨]를 형질감염시켰다. 형질감염은 폴리펙트 형질감염 시약(퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재) 및 플라스미드 DNA 5 ㎍을 사용하여 제조자의 프로토콜에 따라 수행하였다. 24시간 동안 배양한 후, 세포를 PBS로 1회 세척하고, 뉴클레오시드로 보충되지 않고 투석된 FCS(바이오크롬 아게(독일 베를린 소재)로부터 구입됨)가 사용된 점을 제외하고 상기 세포 배양 배지와 동일한 세포 배양 배지에서 다시 배양하였다. 따라서, 세포 배양 배지는 뉴클레오시드를 함유하지 않으므로 형질감염된 세포에 대한 선별이 이루어졌다. 형질감염으로부터 약 14일 후, 내성 세포의 과도한 생장이 관찰되었다. 추가 7 내지 14일 후, 형질감염체는 FACS 분석을 통해 재조합 구축물의 발현에 대해 양성으로 시험되었다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-566)에 기재된 바와 같이 수행되었다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시키면서 MTX를 첨가함으로써 유도하였다.

[0838] 25.2. CD19 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[0839] 일반적으로, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 항원에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 CD19 항원에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 항체 분자는 하기 표 8에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[0840] [표 8]

항-CD3 및 항-CD19 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
482/481	HD37 LH x I2C HL
486/485	HD37 LH x F12Q HL
484/483	HD37 LH x H2C HL
534/533	hCD19 47-A3 LH x I2C HL
522/521	hCD19 46-B11LH x I2C HL
510/509	hCD19 45-A10 LH x I2C HL
498/497	hCD19 26-D6 LH x I2C HL
546/545	HD37-DT LH x I2C HL
558/557	HD37-A LH x I2C HL
570/569	HD37-G LH x I2C HL
582/581	HD37-S LH x I2C HL
594/593	HD37-T LH x I2C HL
606/605	HD37-I LH x I2C HL
618/617	HD37-L LH x I2C HL
630/629	HD37-V LH x I2C HL
642/641	HD37-E LH x I2C HL
654/653	HD37-Q LH x I2C HL
666/665	HD37-N LH x I2C HL
678/677	HD37-K LH x I2C HL
690/689	HD37-R LH x I2C HL
702/701	HD37-H LH x I2C HL
714/713	HD37-Y LH x I2C HL
726/725	HD37-P LH x I2C HL
738/737	HD37-F LH x I2C HL
750/749	HD37-W LH x I2C HL
762/761	HD37-M LH x I2C HL
1283/1282	hCD19 5-A9 LH x I2C HL
1297/1296	hCD19 2-C6 LH x I2C HL
1311/1310	hCD19 4-C7 LH x I2C HL
1325/1324	hCD19 2-D7 LH x I2C HL
1339/1338	hCD19 2-D4 LH x I2C HL
1353/1352	hCD19 5-G3 LH x I2C HL
1367/1366	hCD19 4-E10 LH x I2C HL
1381/1380	hCD19 4-E3 LH X I2C HL
1395/1394	hCD19 3-H7 LH X I2C HL

[0841]

[0842] 인간 CD19에 대한 특이성을 나타내는 가변 경쇄(VL) 및 가변 중쇄(VH) 도메인, 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 CD3 특이적 VH 및 VL 조합물을 함유하는 상기 구축물은 유전자 합성으로 수득하였다. 유전자 합성 단편을 디자인하고, 진핵 단백질 발현을 MCSPxCD3 종간 특이적 단일쇄 분자에 대해 실시예 9에 기재된 절차와 유사하게 수행하였다.

[0843] 25.3. 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 발현 및 정제

[0844] 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 전술된 바와 같이 CHO 세포 또는 HEK293 세포에서 발현시켰다.

[0845] 발현된 이중특이적 단일쇄 항체의 단리 및 분석은 실시예 9에 기재되어 있다.

[0846] 25.4. CD19 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[0847] 인간 CD19와의 결합 능력뿐만 아니라 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3과의 결합 능력 면에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, FACS 분석을 수행하였다. 이를 위해, 실시예 25.1에 기재된 인간 CD19로 형질감염된 CHO 세포 및 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483)을 사용하여 인간 항원과의 결합을 조사하였다. 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 결합 반응성은 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx(피켄쉐르(Fickenscher) 교수(Hygiene Institute, Virology, Erlangen-Nuernberg)에 의해 제공

됨; 문헌(Knappe A, et al., and Fickenscher H., Blood 2000, 95, 3256-61)에 기재되어 있음)를 사용하여 시험하였다. $2x10^5$개 세포의 세포 집단 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 정제된 단백질(2 ㎍/㎖) 50 ㎕와 30분 동안 항온처리하였다. 대안적으로, 일시적으로 생성된 단백질의 세포 배양물 상청액을 사용하였다. 세포를 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 비-표지된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 새로운 배양 배지를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0848] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0849] 도 50에 나타낸 FACS 분석에서, 모든 시험된 구축물이 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3뿐만 아니라 인간 CD19에 대한 결합을 보였다.

[0850] 25.5. CD19 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[0851] 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, 실시예 25.1에 기재된 인간 CD19 양성 세포주를 사용하는 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출을 통해 분석하였다. 자극된 인간 CD8 양성 T 세포 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였다.

[0852] 자극된 인간 PBMC의 생성은 실시예 11에 기재되어 있다.

[0853] 표적 세포를 준비하고 실시예 11에서 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 기재된 절차와 유사하게 분석을 수행하였다.

[0854] 도 51에 나타낸 T 세포 세포독성 분석에서, 모든 시험된 이중특이적 단일쇄 항체 구축물이 인간 CD8+ 세포에 의해 유발된 인간 CD19 양성 표적 세포에 대한 세포독성, 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 인간 CD19 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다. 음성 대조군으로서 관련 없는 이중특이적 단일쇄 항체를 사용하였다.

[0855] 25.6. 추가 CD19 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[0856] 인간 항체 생식세포주 VH 서열 VH1 1-46(를 CDR-H1(서열번호 473), CDR-H2(서열번호 474) 및 CDR-H3(서열번호 475)에 대한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VH를 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. VH1 1-46의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다(5' 방향부터 3'방향으로):

[0857] 5'-37VH-aXho1

[0858] CAG CTG CTC GAG TCT GGG GCT GAG STG RWG ARG CCT GGG KCC TCA GTG AAG RTT TCC TGC AAG GCT TCT GGC(서열번호 763)

[0859] 3'-37VH-b

[0860] cca ctc aag acc ctg tcc agg GSS ctg cYt cac cca gtt cat cca gta gct aGw gaa tgY ata gcc aga agc ctt gca gga(서열번호 764)

[0861] 5'-37VH-c

[0862] GGA CAG GGT CTT GAG TGG ATK GGA CAG ATT TGG CCT GGA GAT GGT GAT ACT AAC TAC AAT GGA AAG TTC AAG(서열번호 765)

[0863] 3'-37VH-d

[0864] cag gct gct gag ttS cat gta gRc tgt gct ggt gga tKY gtc ASS agt caK agt gRc tYt acc ctt gaa ctt tcc att gta g(서열번호 766)

[0865] 5'-37VH-e

[0866] C ATG SAA CTC AGC AGC CTG SSA TCT GAG GAC ACT GCG GTC TAT TWC TGT GCA AGA CGG GAG ACT ACG ACG G(서열번호 767)

[0867] 3'-37VH-fBstE2

[0868] gga gac ggt gac cgt ggt ccc ttg gcc cca gta gtc cat agc ata gta ata acg gcc tac cgt cgt agt ctc ccg tct tgc(서열번호 768)

[0869] 이 프라이머 세트 각각은 전체 상응하는 VH 서열을 커버한다.

[0870] 각각의 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[0871] 이어서, VH PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VH의 경우 약 350 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VH DNA 단편을 증폭하였다.

[0872] 인간 항체 생식세포주 VL 서열 VkI O12(http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/)을 CDR-L1(서열번호 478), CDR-L2(서열번호 479) 및 CDR-L3(서열번호 480)을 위한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VL 각각을 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. 추후 올리고뉴클레오티드 내에서의 클로닝에 필요한 제한 부위는 결실된다. VkI O12의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다(5' 방향부터 3'방향으로):

[0873] 5'-37VL-A-SacI

[0874] CAG CTG GAG CTC CAG ATG ACC CAG TCT CCA KCT TCT TTG KCT GYG TCT STA GGG SAS AGA GYC ACC ATC WCC TGC AAG GCC AGC(서열번호 769)

[0875] 3'-37VL-B

[0876] ctg ttg gta cca gtt caa ata aSt SNN acc atc ata atc aac act ttg gct ggc ctt gca ggt gat ggt(서열번호 770)

[0877] 5'-37VL-C

[0878] TTG AAC TGG TAC CAA CAG AWA CCA GGA MAG SCA CCC AAA CTC CTC ATC TAT GAT GCA TCC AAT CTA GTT TCT(서열번호 771)

[0879] 3'-37VL-D

[0880] gag ggt gaa gtc tgt ccc aga ccc act gcc act aaa cct ggR tgg gaY ccc aga aac tag att gga tgc(서열번호 772)

[0881] 5'-37VL-E

[0882] GGG ACA GAC TTC ACC CTC AMC ATC MRT YCT STG SAG MMG GWG GAT KYC GCA ACC TAT YAC TGT CAG CAA AGT ACT GAG(서열번호 773)

[0883] 3'-37VL-F-BsiW1Spe1

[0884] ACT CAG ACT AGT CGT ACG ttt gat ctc cac ctt ggt ccc ttg acc gaa cgt cca cgg atc ctc agt act ttg ctg aca g(서열번호 774)

[0885] 이 프라이머 세트 각각은 전체 상응하는 VL 서열을 커버한다.

[0886] 각각의 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영

동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[0887] 이어서, VL PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VL의 경우 약 330 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VL DNA 단편을 증폭하였다.

[0888] 그 다음, 파지 디스플레이 벡터 pComb3H5Bhis 내에서 최종 VH1 1-46-기재 VH PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VH의 레파토리)을 최종 VkI O12-기재 VL PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VL의 레파토리)과 조합하여, 기능성 scFv로 구성된 라이브러리를 형성하였는데, 섬유상 파지 상에서의 디스플레이 후 상기 라이브러리로부터 항-CD19 결합제가 다음과 같이 선별되고, 스크리닝되고, 동정되고 확인된다.

[0889] 경쇄 단편(SacI 및 SpeI로 절단됨) 450 ng을 파지미드 pComb3H5Bhis(SacI 및 SpeI로 절단됨; 큰 단편) 1400 ng과 라이게이션시켰다. 이어서, 생성된 조합 항체 라이브러리를 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm, 바이오라드 진-펄서)으로 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 내로 형질전환시켜 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 라이브러리를 생성하였다. 1시간의 표현형 발현 후, 양성 형질전환체를 액체 수퍼 브로쓰(SB) 밤샘 배양물 100 ㎖ 중에서 pComb3H5BHis 벡터에 의해 코딩된 카베니실린 내성에 대해 선별하였다. 이어서, 세포를 원심분리로 수거하고, 플라스미드 준비를 상업적으로 입수가능한 플라스미드 제제 키트(퀴아젠)를 사용하여 수행하였다.

[0890] VL 라이브러리를 함유하는 이 플라스미드-DNA(XhoI 및 BstEII로 절단됨; 큰 단편) 2800 ng을 중쇄 V 단편(XhoI 및 BstEII로 절단됨) 900 ng과 라이게이션시키고, 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm)으로 전기전능 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 분취액 내로 다시 형질전환시켜 라이브러리 크기가 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 scFv 라이브러리를 생성하였다.

[0891] 표현형 발현 및 카베니실린에의 느린 적응 후, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 SB-카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 SB) 선별 배지 내로 옮겼다. 그 다음, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 10^{12}개 입자의 감염 투여량의 헬퍼 파지 VCSM 13으로 감염시켜 섬유상 M13 파지를 생성하고 분비시켰는데, 이때 파지 입자는 뮤린 scFv-단편을 코딩하는 단일 가닥 pComb3H5BHis-DNA를 함유하고 파지 코트 단백질 III과의 번역 융합체로서 상응하는 scFv-단백질을 디스플레이하였다. 항체 라이브러리를 디스플레이하는 이러한 파지 풀은 추후에 항원 결합 물질의 선별에 사용되었다.

[0892] 이를 위해, 클로닝된 scFv 레파토리를 보유하는 파지 라이브러리를 PEG8000/NaCl 침전 및 원심분리를 이용하여 배양물 상청액 각각으로부터 수거하였다. 약 10^{11} 내지 10^{12}개의 scFv 파지 입자를 PBS/0.1% BSA 0.4 ㎖에 재현탁시키고 10^5 내지 10^7 CD19 형질감염된 CHO 세포(실시예 1 참조)와 함께 서서히 교반하면서 얼음 상에서 1시간 동안 항온처리하였다. 상기 CD19 형질감염된 CHO 세포는 원심분리하여 수거하고 PBS에서 세척하고 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)에 재현탁시켰다. CD19 형질감염된 CHO 세포에 특이적으로 결합하지 않는 scFv 파지는 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)로 최대 5회 세척하여 제거하였다. 세척 후, 세포를 HCl-글리신(pH 2.2)(후속 볼텍싱과 함께 10분 동안 항온처리)에 재현탁시키고 2 M 트라이스(pH 12)로 중화시켜 세포로부터 결합 물질을 용출하고, 용출물을 새로운 비-감염된 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 배양물(OD600 > 0.5)의 감염에 사용하였다. 인간/인간화된 scFv-단편을 코딩하는 파지미드 카피로 성공적으로 형질도입된 에스케리키아 콜라이 세포를 함유하는 에스케리키아 콜라이 배양물을 카베니실린 내성에 대해 다시 선별한 후 VCMS 13 헬퍼 파지로 감염시켜 항체 디스플레이 및 시험관내 선별의 제2 순환을 개시하였다. 통상적으로 총 4 또는 5 순환의 선별을 수행하였다.

[0893] CD19 특이적 결합제를 스크리닝하기 위해, 4 및 5 순환 패닝에 상응하는 플라스미드 DNA를 선별 후 에스케리키아 콜라이 배양물로부터 단리하였다. 가용성 scFv-단백질의 제조를 위해, scFv-DNA 단편을 플라스미드로부터 절단하였다(XhoI-SpeI). 이 단편들을 동일한 제한 부위를 통해 플라스미드 pComb3H5BFlag/His에 클로닝하였는데, 상기 플라스미드 pComb3H5BFlag/His는 발현 구축물(예를 들어, scFv)이 scFv와 His6 태그 앞의 C-말단에서 플래그 태그(DYKDDDDK, 서열번호 775)를 포함하고 파지 단백질 III/N3 도메인 및 단백질 III/CT가 결실되었다는 점에서 원래의 pComb3H5BHis와 상이하다. 라이게이션 후, 플라스미드 DNA의 풀 각각(패닝의 상이한 순환)을 열충격 전능 에스케리키아 콜라이 TG1 또는 XL1 블루 100 ㎕에 형질전환시키고 카베니실린 LB-아가 상에 플레이팅하였다. 단일 콜로니를 LB 카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 LB) 100 ㎕ 내로 픽킹하였다.

[0894] scFv-DNA 단편을 함유하는 pComb3H5BHis로 형질전환된 에스케리키아 콜라이는 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분

한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. 적절한 신호 서열로 인해 scFv는 기능성 입체구조로 폴딩되는 원형질막공간 내로 배출된다.

[0895] 원형질막공간 소규모 제제를 위해 형질전환 플레이트로부터 단일 에스케리키아 콜라이 TG1 박테리아 콜로니를 픽킹하고 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지(예를 들어, 10 ㎖)에서 생장시켰다(수거 후 PBS(예를 들어, 1 ㎖)에 재용해시킴). -70℃에서 동결시키고 37℃에서 해동시키는 4 순환을 통해 온도 충격을 인가하여 박테리아 외막을 파괴시키고, scFv를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액으로 방출시켰다. 온전한 세포 및 세포 데브리스를 원심분리를 이용하여 제거한 후, 항-CD19 scFv를 함유하는 상청액을 수거하여 다음과 같이 CD19 특이적 결합제의 동정을 위해 사용하였다:

[0896] scFv와 CD19의 결합은 CD19 형질감염된 CHO 세포(실시예 25.1 참조)에 대한 유세포분류로 시험하였는데, 이때 비-형질감염된 CHO 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0897] 유세포분류를 위해, $2.5x10^5$개의 세포를 scFv 원형질막공간 제제 50 ㎕와 함께, 또는 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕ 중의 정제된 scFv 5 ㎍/㎖와 함께 항온처리하였다. scFv의 결합을 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 2 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-His 항체(펜타-His 항체, BSA 무함유, 퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재)로 검출하였다. 제2 단계로서, 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 1:100의 비로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)를 사용하였다. 샘플을 FACSscan(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[0898] 그 다음, 유리한 성질 및 아미노산 서열에 대해 단일 클론을 분석하였다. Gly_4Ser_1-링커를 통해 CD19 특이적 scFv를 CD3 특이적 scFv I2C(아미노산 서열의 서열번호 185, 핵산 서열의 서열번호 186) 또는 본 발명의 임의의 다른 CD3 특이적 scFv와 연결하여 도메인 정렬 VL_{CD19}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VH_{CD19}-Gly_4Ser_1-VH_{CD3}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VL_{CD3}을 갖는 구축물을 생성함으로써 PSCA 특이적 scFv를 재조합 이중특이적 단일쇄 항체로 전환시켰다. CHO 세포에서의 발현을 위해, (i) 코작 컨센서스 서열 내에 묻혀있는 개시 코돈을 포함하는 N-말단 면역글로불린 중소 리더, 및 (ii) C-말단 His6 태그에 이어서 정지 코돈으로 구성된 코딩 서열을 이중특이적 단일쇄 항체를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 인 프레임으로 연결시킨 후, 유전자 합성에 의해 수득된 DNA 단편을 발현 벡터 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150) 내로 삽입시켰다. 생성된 발현 플라스미드의 형질감염, 단백질 발현 및 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 정제는 실시예 25.2 및 25.3에 기재된 바와 같이 수행하였다. 당분야의 현 기술수준의 다른 방법들은 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다.

[0899] 기능성 이중특이적 단일쇄 항체 구축물의 동정은 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포로부터 수득된 배양물 상청액의 유세포분류 결합 분석으로 수행하였다. 분석은 실시예 25.4에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0900] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 CD19에 대한 이중특이적 결합을 보이는 구축물만이 추가 사용을 위해 선택되었다.

[0901] 이펙터 T 세포에 의해 유발된 CD19 양성 표적 세포에 대한 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물의 세포독성은 실시예 25.5에 기재된 바와 같이 분석하였다. 인간 CD19로 형질감염된 CHO 세포를 표적 세포로서 사용하였고, 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 T 세포로서 사용하였다. CD19 양성 표적 세포에 대한 강력한 T 세포 세포독성을 나타내는 구축물만을 추가 사용을 위해 선택하였다.

[0902] 26. c-MET 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 생성 및 특징규명

[0903] 26.1. 인간 c-MET를 발현하는 CHO 세포의 생성

[0904] 진뱅크에 공개된 인간 c-MET의 코딩 서열(검색 번호 NM_000245)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위에 이어서 c-MET 단백질의 코딩 서열 및 정지 코돈을 함유하도록 디자인되었다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 776 및 777에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다.

내부 제한 부위는 유전자 합성 단편에서 코딩 서열을 침묵(silent) 돌연변이시켜 제거하였다(SalI: 뉴클레오티드 366에서 C를 G로 치환; EcoRI 및 XbaI: 뉴클레오티드 2059 내지 2061에서 TCT를 AGC로 치환; EcoRI: 뉴클레오티드 2304에서 T를 C로 치환). 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[0905] 26.2. 짧은꼬리원숭이 c-MET를 발현하는 CHO 세포의 생성

[0906] 표준 프로토콜에 따라 준비한 짧은꼬리 원숭이 간으로부터 수득된 cDNA에 대한 PCR을 5회 수행하여 짧은꼬리 원숭이 c-MET(시아노몰구스)의 cDNA 서열을 수득하였다. 하기 반응 조건 및 하기 프라이머가 사용되었다: 94℃에서 2분, 1주기; 94℃에서 1분, 56℃에서 1분 및 72℃에서 3분, 40주기; 및 이어서 72℃에서 3분, 마지막 주기.

[0907] 4. 전방향 프라이머: 5'-aggaattcaccatgaaggcccccgctgtgcttgcacc-3'(서열번호 778), 및 역방향 프라이머: 5'-ctccagaggcatttccatgtagg-3'(서열번호 779)

[0908] 5. 전방향 프라이머: 5'-gtccaaagggaaactctagatgc-3'(서열번호 780), 역방향 프라이머: 5'-ggagacactggatgggagtccagg-3'(서열번호 781)

[0909] 6. 전방향 프라이머: 5'-catcagagggtcgcttcatgcagg-3'(서열번호 782), 및 역방향 프라이머: 5'-gctttggttttcaggggggagttgc-3'(서열번호 783)

[0910] 7. 전방향 프라이머: 5'-atccaaccaaatcttttattagtggtgg-3'(서열번호 784), 및 역방향 프라이머: 5'-gacttcattgaaatgcacaatcagg-3'(서열번호 785)

[0911] 8. 전방향 프라이머: 5'-tgctctaaatccagagctggtcc-3'(서열번호 786), 및 역방향 프라이머: 5'-gtcagataagaaattccttagaatcc-3'(서열번호 787)

[0912] 이 PCR은 5개의 중첩 단편을 생성하였고, 이 중첩 단편들을 단리하여 PCR 프라이머를 사용하는 표준 프로토콜에 따라 서열분석함으로써 리더 펩티드의 코돈 10으로부터 성숙 단백질의 마지막 코돈에 이르는 짧은꼬리 원숭이 c-MET를 코딩하는 cDNA 서열의 일부를 수득하였다. 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 발현 구축물을 생성하기 위해, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 cDNA 단편을 수득하였다(상기 구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 788 및 789에 기재되어 있음). 이 구축물에서, 리더 펩티드의 코돈 10으로부터 성숙 단백질의 마지막 코돈에 이어서 정지 코돈에 이르는 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 코딩 서열을 인간 c-MET 단백질의 리더 펩티드의 아미노산 1 내지 9의 코딩 서열에 인 프레임으로 융합시켰다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고 DNA의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 내부 제한 부위는 유전자 합성 단편에서 코딩 서열을 침묵 돌연변이시켜 제거하였다(SalI: 뉴클레오티드 366에서 C를 G로 치환; EcoRI: 뉴클레오티드 2055에서 G를 C로 치환). 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[0913] 26.3. c-MET 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[0914] 종간 특이적 결합 분자의 클로닝

[0915] 일반적으로, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인뿐만 아니라 c-MET에 대한 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 항체 분자는 하기 표 9에 기재된 바

와 같이 디자인되었다:

[0916] [표 9]

항-C-MET 및 항-CD3 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
830/829	MET1HLxI2CHL
854/853	MET4HLxI2CHL
872/871	MET5HLxI2CHL
890/889	MET6HLxI2CHL
832/831	MET1LHxI2CHL
856/855	MET4LHxI2CHL
874/873	MET5LHxI2CHL
892/891	MET6LHxI2CHL
906/905	MET7LHxI2CHL

[0917]

[0918] c-MET에 대한 특이성을 나타내는 가변 경쇄(VL) 및 가변 중쇄(VH) 도메인, 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 CD3 특이적 VH 및 VL 조합물을 함유하는 상기 구축물은 유전자 합성으로 수득하였다. 유전자 합성 단편을 디자인하고, 진핵 단백질 발현을 MCSPxCD3 종간 특이적 단일쇄 분자에 대해 실시예 9에 기재된 절차와 유사하게 수행하였다. 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 MCSPxCD3 종간 특이적 단일쇄 항체에 대해 전술한 바와 같이 CHO 세포 또는 HEK293 세포에서 발현시켰다.

[0919] 발현된 이중특이적 단일쇄 항체의 단리 및 분석도 실시예 9에 기재되어 있다.

[0920] 도 55에 나타낸 바와 같이, 생성된 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 항체 구축물 모두가 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 c-MET 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다.

[0921] 26.5. c-MET 및 CD3 종간 특이적 이중특이성 항체의 유세포분류 결합 분석

[0922] c-MET와의 결합 능력뿐만 아니라 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3과의 결합 능력 면에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, FACS 분석을 수행하였다. 이를 위해, 인간 c-MET 양성 유방암 세포주 MDA-MB-231(ATCC 번호 HTB-26) 및 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483)을 사용하여 인간 항원과의 결합을 시험하였다. 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 결합 반응성은 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx(피켄쉐르(Fickenscher) 교수(Hygiene Institute, Virology, Erlangen-Nuernberg)에 의해 제공됨; 문헌(Knappe A, et al., and Fickenscher H., Blood 2000, 95, 3256-61)에 기재되어 있음)를 사용하여 시험하였다. $2x10^5$개 세포의 세포 집단 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 상청액 50 ㎕와 30분 동안 항온처리하였다. 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 비-표지된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0923] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[0924] c-MET에 대한 특이성 및 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 전술된 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 52에 도시된 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물은 음성 대조군에 비해 CD3 및 c-MET에의 결합을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[0925] 26.6. c-MET 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[0926] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, MDA-MB-231 세포주를 사용하여 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr

방출을 통해 분석하였다. 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC를 이펙터 세포로서 사용하였다.

[0927] 자극된 인간 PBMC의 생성은 실시예 11에 기재되어 있다. 표적 세포를 준비하고 실시예 11에서 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 기재된 절차와 유사하게 분석을 수행하였다.

[0928] 도 53에 나타낸 바와 같이, 생성된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 c-MET 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다.

[0929] 26.7. 추가 c-MET 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[0930] 인간 항체 생식세포주 VH 서열 VH1 1-03(을 CDR-H1(서열번호 821), CDR-H2(서열번호 822) 및 CDR-H3(서열번호 823)에 대한 골격 환경으로서 선택하였다. 마찬가지로, 인간 항체 생식세포주 VH 서열 VH1 1-46(를 CDR-H1(서열번호 8836), CDR-H2(서열번호 837) 및 CDR-H3(서열번호 838)에 대한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VH를 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. VH1 1-03의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[0931] 5'CM1-VH-A-XhoI(서열번호 790)

[0932] CCA TGT CTC GAG TCT GGG SCT GAA STG RWG ARG CCT GGG GCT TCA GTG AAA RTG TCC TGC ARG GCT TCG GGC TAT ACC TTC

[0933] 3'CM1-VH-B(서열번호 791)

[0934] AT CCA CTC AAG CCY TTG TCC AGG CSY CTG TYT AAC CCA GTG CAA CCA GTA GCT GGT GAA GGT ATA GCC CGA AGC

[0935] 5'CM1-VH-C(서열번호 792)

[0936] GG CTT GAG TGG ATK GGC ATG ATT GAT CCT TCC AAT AGT GAC ACT AGG TTT AAT CCG AAC TTC AAG GAC

[0937] 3'CM1-VH-D(서열번호 793)

[0938] GCT GCT GAG CWS CAT GTA GGC TGT GYT GGM AGA TST GTC TMY AKT SAW TGT GRC CYT GTC CTT GAA GTT CGG ATT

[0939] 5'CM1-VH-E(서열번호 794)

[0940] GCC TAC ATG SWA CTC AGC AGC CTG ASA TCT GMG GAC ACT GCA GTC TAT TAC TGT GCC ASA TAT GGT AGC TAC GTT

[0941] 3'CM1-VH-F-BstEII(서열번호 795)

[0942] CAT GTA GGT GAC CGA GGT TCC TTG ACC CCA GTA GTC CAG AGG GGA AAC GTA GCT ACC ATA

[0943] VH1 1-46의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드가 사용된다:

[0944] 5' CM3-VH-A-XhoI(서열번호 796)

[0945] CCA TGT CTC GAG TCT GGG RCT GAA STG RWG AAG CCT GGG GCT TCA GTG AAG STG TCC TGC AAG GCT TCT

[0946] 3' CM3-VH-B(서열번호 797)

[0947] CTC AAG GCC TTG TCC AGG CSY CTG CYT CAC CCA GTG TAT CCA GTA ACT GGT GAA GGT GTA GCC AGA AGC CTT GCA GGA

[0948] 5' CM3-VH-C(서열번호 798)

[0949] CCT GGA CAA GGC CTT GAG TGG ATK GGA GAG ATT AAT CCT AGC AGC GGT CGT ACTA AC TAC AAC GAG AAA TTC

[0950] 3' CM3-VH-D(서열번호 799)

[0951] C TGT GGA GGT AGA TKT GTC TMY AGT CAY TGT GAC CYT GTT CTT GAA TTT CTC GTT GTA GTT

[0952] 5' CM3-VH-E(서열번호 800)

[0953] A TCT ACC TCC ACA GYC TAC ATG SAA CTC AGC ARC CTG ASA TCT GAG GAC ACT GCG GTC TAT TAC TGT GCA

[0954] 3' CM3-VH-F-BstEII(서열번호 801)

[0955] CAT GTA GGT GAC CGT GGT GCC TTG GCC CCA GTA GCC CCT WCT TGC ACA GTA ATA GAC CGC

[0956] 이 프라이머 세트 각각은 전체 상응하는 VH 서열을 커버한다.

[0957] 각각의 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[0958] 이어서, VH PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VH의 경우 약 350 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VH DNA 단편을 증폭하였다.

[0959] 인간 항체 생식세포주 VL 서열 VkII O11(http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/)을 CDR-L1(서열번호 816), CDR-L2(서열번호 817) 및 CDR-L3(서열번호 818)을 위한 골격 환경으로서 선택하였다. 마찬가지로, 인간 항체 생식세포주 VL 서열 VkII A1(http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/)을 CDR-L1(서열번호 833), CDR-L2(서열번호 834) 및 CDR-L3(서열번호 835)을 위한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VL 각각을 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. 추후 올리고뉴클레오티드 내에서의 클로닝에 필요한 제한 부위는 결실된다. VkII O11의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[0960] 5' CM1-VL-A-SacI(서열번호 802)

[0961] CCT GTA GAG CTC GTG ATG ACC CAG ACT CCA YYC TCC CTA MCT GTG ACA SYT GGA GAG MMG GYT TCT RTC AGC TGC AAG TCC AGT

[0962] 3' CM1-VL-B(서열번호 803)

[0963] GTA CCA GGC CAA GTA GTT CTT CTG ACT GCT AGT ATA TAA AAG GGA CTG ACT GGA CTT GCA GCT GA

[0964] 5' CM1-VL-C(서열번호 804)

[0965] TAC TTG GCC TGG TAC CWG CAG AAA CCA GGT CAG TCT CCT MAA CTG CTG ATT TAC TGG GCA TCC ACT AGG

[0966] 3' CM1-VL-D(서열번호 805)

[0967] GAG AGT GAA ATC TGT CCC AGA TCC ACT GCC TGA GAA GCG ATC AGG GAC CCC AGA TTC CC TAGT GGA TGC CCA GTA

[0968] 5' CM1-VL-E(서열번호 806)

[0969] ACA GAT TTC ACT CTC AMA ATC TCC AGW GTG RAG GCT GAS GAC STG GSA GTT TAT TAC TGT CAG CAA TAT

[0970] 3' CM1-VL-F-BsiWI/SpeI(서열번호 807)

[0971] CCT CAG ACT AGT CGT ACG TTT GAT CTC CAA CTT TGT GCC TCC ACC GAA CGT CCA CGG ATA GGC ATA ATA TTG CTG ACA GTA ATA

[0972] VkII A1의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드가 사용된다:

[0973] 5' CM3-VL-A-SacI(서열번호 808)

[0974] CCT GTA GAG CTC GTG ATG ACC CAA TCT CCA SYT TCT TTG SCT GTG ACT CTA GGG CAG CSG GCC TCC ATC TCC TGC

[0975] 3' CM3-VL-Ba(서열번호 809)

[0976] GAA CCA ACT CAT ATA ACT ACC ACC ATC ATA ATC AAC ACT TTG GCT GGC CTT GCA GGA GAT GGA GGC

[0977] 3' CM3-VL-Bb(서열번호 810)

[0978] GAA CCA ACT CAT ATA ACT ACC ACC ATC ATA ATC AAC ACT AGA TTG GCT GGC CTT GCA GGA GAT GGA GGC

[0979] 5' CM3-VL-C(서열번호 811)

[0980] AGT TAT ATG AGT TGG TTC CAA CAG AGA CCA GGA CAG YCA CCC ARA CKC CTC ATC TMT GCT GCA TCC AAT CTA

[0981] 3' CM3-VL-D(서열번호 812)

[0982] GGT GAA GTC TGT CCC AGA GCC ACT GCC ACT AAA CCT GKC TGG GAY CCC AGA TTC TAG ATT GGA TGC AGC

[0983] 5' CM3-VL-E(서열번호 813)

[0984] TCT GGG ACA GAC TTC ACC CTC AAK ATC YMT CST GTG GAG GMG GAG GAT GTT GSA RYC TAT TACT GT CAG CAA AGT

[0985] 3' CM3-VL-F-BsiWI/SpeI(서열번호 814)

[0986] CCT CAG ACT AGT CGT ACG TTT GAT CTC CAG CTT GGT CCC CTG ACC GAA CGT GAG CGG ATC CTC ATA ACT TTG CTG ACA GTA ATA

[0987] 이 프라이머 세트 각각은 전체 상응하는 VL 서열을 커버한다.

[0988] 각각의 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[0989] 이어서, VL PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VL의 경우 약 330 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VL DNA 단편을 증폭하였다.

[0990] 그 다음, 파지 디스플레이 벡터 pComb3H5Bhis 내에서 최종 VH1 1-03-기재 VH PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VH의 레파토리)을 최종 VkII O11-기재 VL PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VL의 레파토리)과 조합하고 최종 VH1 1-46-기재 VH PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VH의 레파토리)을 최종 VkII A1-기재 VL PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VL의 레파토리)과 조합하여, 기능성 scFv로 구성된 2종의 상이한 라이브러리를 형성하였는데, 섬유상 파지 상에서의 디스플레이 후 상기 라이브러리로부터 항-c-MET 결합제가 다음과 같이 선별되고, 스크리닝되고, 동정되고 확인된다.

[0991] 경쇄 단편(SacI 및 SpeI로 절단됨) 450 ng을 파지미드 pComb3H5Bhis(SacI 및 SpeI로 절단됨; 큰 단편) 1400 ng과 라이게이션시켰다. 이어서, 생성된 조합 항체 라이브러리를 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm, 바이오라드 진-펄서)으로 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 내로 형질전환시켜 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 라이브러리를 생성하였다. 1시간의 표현형 발현 후, 양성 형질전환체를 액체 수퍼 브로쓰(SB) 밤샘 배양물 100 ㎖ 중에서 pComb3H5BHis 벡터에 의해 코딩된 카베니실린 내성에 대해 선별하였다. 이어서, 세포를 원심분리로 수거하고, 플라스미드 준비를 상업적으로 입수가능한 플라스미드 제제 키트(퀴아젠)를 사용하여 수행하였다.

[0992] VL 라이브러리를 함유하는 이 플라스미드-DNA(XhoI 및 BstEII로 절단됨; 큰 단편) 2800 ng을 중쇄 V 단편(XhoI 및 BstEII로 절단됨) 900 ng과 라이게이션시키고, 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm)으로 전기전능 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 분취액 내로 다시 형질전환시켜 라이브러리 크기가 10^7개를 초과하는 독립적인 클론의 총 VH-VL scFv(단일쇄 가변 단편) 라이브러리를 발생시켰다.

[0993] 표현형 발현 및 카베니실린에의 느린 적응 후, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 SB-카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 SB) 선별 배지 내로 옮겼다. 그 다음, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 10^{12}개 입자의 감염 투여량의 헬퍼 파지 VCSM 13으로 감염시켜 섬유상 M13 파지를 생성하고 분비시켰는데, 이때 파지 입자는 뮤린 scFv-단편을 코딩하는 단일 가닥 pComb3H5BHis-DNA를 함유하고 파지 코트 단백질 III과의 번역 융합체로서 상응하는 scFv-단백질을 디스플레이하였다. 항체 라이브러리를 디스플레이하는 이러한 파지 풀은 추후에 항원 결합 물질의 선별에 사용되었다.

[0994] 이를 위해, 클로닝된 scFv 레파토리를 보유하는 파지 라이브러리를 PEG8000/NaCl 침전 및 원심분리를 이용하여 배양물 상청액 각각으로부터 수거하였다. 약 10^{11} 내지 10^{12}개의 scFv 파지 입자를 PBS/0.1% BSA 0.4 ㎖에 재현탁시키고 10^5 내지 10^7 c-MET 형질감염된 CHO 세포(실시예 26.1 참조)와 함께 서서히 교반하면서 얼음 상에서 1시간 동안 항온처리하였다. 상기 c-MET 형질감염된 CHO 세포는 원심분리하여 수거하고 PBS에서 세척하고

PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)에 재현탁시켰다. c-MET 형질감염된 CHO 세포에 특이적으로 결합하지 않는 scFv 파지는 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)로 최대 5회 세척하여 제거하였다. 세척 후, 세포를 HCl-글리신(pH 2.2)(후속 볼텍싱과 함께 10분 동안 항온처리)에 재현탁시키고 2 M 트라이스(pH 12)로 중화시켜 세포로부터 결합 물질을 용출하고, 용출물을 새로운 비-감염된 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 배양물(OD600 > 0.5)의 감염에 사용하였다. 인간/인간화된 scFv-단편을 코딩하는 파지미드 카피로 성공적으로 형질도입된 에스케리키아 콜라이 세포를 함유하는 에스케리키아 콜라이 배양물을 카베니실린 내성에 대해 다시 선별한 후 VCMS 13 헬퍼 파지로 감염시켜 항체 디스플레이 및 시험관내 선별의 제2 순환을 개시하였다. 통상적으로 총 4 또는 5 순환의 선별을 수행하였다.

[0995] c-MET 특이적 결합제를 스크리닝하기 위해, 4 및 5 순환 패닝에 상응하는 플라스미드 DNA를 선별 후 에스케리키아 콜라이 배양물로부터 단리하였다. 가용성 scFv-단백질의 제조를 위해, VH-VL-DNA 단편을 플라스미드로부터 절단하였다(XhoI-SpeI). 이 단편들을 동일한 제한 부위를 통해 플라스미드 pComb3H5BFlag/His에 클로닝하였는데, 상기 플라스미드 pComb3H5BFlag/His는 발현 구축물(예를 들어, scFv)이 scFv와 HIs6-태그 사이에서 플래그 태그(DYKDDDDK)를 포함하고 추가 파지 단백질이 결실되었다는 점에서 원래의 pComb3H5BHis와 상이하다. 라이게이션 후, 플라스미드 DNA의 풀 각각(패닝의 상이한 순환)을 열 충격 전능 에스케리키아 콜라이 TG1 또는 XL1 블루 100 ㎕에 형질전환시키고 카베니실린 LB-아가 상에 플레이팅하였다. 단일 콜로니를 LB 카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 LB) 100 ㎕ 내로 픽킹하였다.

[0996] VL- 및 VH-분절을 함유하는 pComb3H5BHis로 형질전환된 에스케리키아 콜라이는 유전자 III 단편의 절단 및 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. 적절한 신호 서열로 인해 scFv는 기능성 입체 구조로 폴딩되는 원형질막공간 내로 배출된다.

[0997] 원형질막공간 소규모 제제를 위해 형질전환 플레이트로부터 단일 에스케리키아 콜라이 TG1 박테리아 콜로니를 픽킹하고 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지(예를 들어, 10 ㎖)에서 생장시켰다(수거 후 PBS(예를 들어, 1 ㎖)에 재용해시킴). -70℃에서 동결시키고 37℃에서 해동시키는 4 순환을 통해 온도 충격을 인가하여 박테리아 외막을 파괴시키고, scFv를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액으로 방출시켰다. 온전한 세포 및 세포 데브리스를 원심분리를 이용하여 제거한 후, 항-c-MET scFv를 함유하는 상청액을 수거하여 다음과 같이 c-MET 특이적 결합제의 동정을 위해 사용하였다:

[0998] scFv와 c-MET의 결합은 c-MET 형질감염된 CHO 세포(실시예 27.1 참조)에 대한 유세포분류로 시험하였는데, 이때 비-형질감염된 CHO 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[0999] 유세포분류를 위해, $2.5x10^5$개의 세포를 scFv 원형질막공간 제제 50 ㎕와 함께, 또는 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕ 중의 정제된 scFv 5 ㎍/㎖와 함께 항온처리하였다. scFv의 결합을 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 2 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-His 항체(펜타-His 항체, BSA 무함유, 퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재)로 검출하였다. 제2 단계로서, 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 1:100의 비로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)를 사용하였다. 샘플을 FACSscan(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[1000] 그 다음, 유리한 성질 및 아미노산 서열에 대해 단일 클론을 분석하였다. Gly_4Ser_1-링커를 통해 c-MET 특이적 scFv를 CD3 특이적 scFv I2C(서열번호 185) 또는 본 발명의 임의의 다른 CD3 특이적 scFv와 연결하여 도메인 정렬 VH_{c-MET}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VL_{c-MET}-$Ser_1Gly_4Ser_1$-VH_{CD3}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VL_{CD3} 또는 대안적 도메인 정렬을 갖는 구축물을 생성함으로써 PSCA 특이적 scFv를 재조합 이중특이적 단일쇄 항체로 전환시켰다. CHO 세포에서의 발현을 위해, (i) 코작 컨센서스 서열 내에 묻혀있는 개시 코돈을 포함하는 N-말단 면역글로불린 중소 리더, 및 (ii) C-말단 His6 태그에 이어서 정지 코돈으로 구성된 코딩 서열을 이중특이적 단일쇄 항체를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 인프레임으로 연결시킨 후, 유전자 합성에 의해 수득된 DNA 단편을 발현 벡터 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150) 내로 삽입시켰다. 생성된 발현 플라스미드의 형질감염, 단백질 발현 및 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 정제는 실시예 26.3 및 26.4에 기재된 바와 같이 수행하였다. 당분야의 현 기술수준의 다른 방법들은 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다.

[1001] 기능성 이중특이적 단일쇄 항체 구축물의 동정은 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물을 발현하는 형질

감염된 세포로부터 수득된 배양물 상청액의 유세포분류 결합 분석으로 수행하였다. 분석은 실시예 26.1 및 26.2에 기재된 c-MET 형질감염된 CHO 세포가 추가로 사용된다는 점을 제외하고 실시예 26.5에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[1002] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 c-MET에 대한 이중특이적 결합을 보이는 구축물만이 추가 사용을 위해 선택되었다.

[1003] *이펙터 세포에 의해 유발된 c-MET 양성 표적 세포에 대한 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물의 세포독성은 실시예 26.1 및 26.2에 기재된 c-MET 형질감염된 CHO 세포가 추가 표적 세포로서 사용되고 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용된다는 점을 제외하고 실시예 26.6에 기재된 바와 같이 분석하였다. c-MET 양성 표적 세포에 대한 강력한 이펙터 세포의 강력한 세포독성을 동원하는 구축물만을 추가 사용을 위해 선택하였다.

[1004] 27. 추가 c-MET 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 특징규명

[1005] 27.1. 인간 c-MET의 증가된 발현을 보이는 CHO 세포, 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET 세포외 도메인의 증가된 발현을 보이는 CHO 세포의 생성

[1006] 전술된 바와 같은 인간 c-MET 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 변경된 코딩 서열을, 인간 c-MET 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 세포외 도메인과 인간 EpCAM의 말단절단된 변이체의 융합 단백질을 코딩하는 인공 cDNA 서열의 구축에 사용하였다. 이 c-MET 융합 단백질의 발현을 위한 구축물을 생성하기 위해, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 cDNA 단편을 수득하였다(상기 구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 인간 c-MET의 경우 서열번호 767 및 77에 기재되어 있고 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 경우 서열번호 788 및 789에 기재되어 있음). 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 19개의 아미노산으로 구성된 면역글로불린 리더 펩티드의 코딩 서열을 함유하고, 이어서 인간 c-MET 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET의 세포외 도메인에 상응하는 성숙 단백질의 아미노산 1 내지 908에 해당하는 인간 c-MET 또는 짧은꼬리 원숭이 c-MET 단백질의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 인공 Ser_1-Gly_4-Ser_1-Gly_1 링커의 코딩 서열을 인 프레임으로 함유하고, 이어서 인간 EpCAM의 경막 도메인 및 세포내 도메인의 코딩 서열(진뱅크에 공개되어 있음; 검색 번호 NM_002354; 위치 279에서 발린이 이소류신으로 치환된 점 돌연변이가 존재한다는 점을 제외하고 아미노산 266 내지 314(개시 코돈으로부터 번호를 매김])을 인 프레임으로 함유하도록 디자인되었다. 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[1007] 27.2. c-MET 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[1008] 종간 특이적 결합 분자의 클로닝

[1009] 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 c-MET에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 10에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1010] [표 10]

항-CD3 및 항-cMET 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
1413/1412/	ME86H11HLxI2CHL
1427/1426/	ME62A12HLxI2CHL
1441/1440	ME63F2HLxI2CHL
1455/1454	ME62D11HLxI2CHL
1469/1468	ME62C10HLxI2CHL
1483/1482	ME62A4HLxI2CHL

[1011]

[1012] 일반적으로, 상기 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다.

[1013] c-MET 및 CD3 간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. c-MET에 대한 종간 특이성 및 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 54에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군에 비해 CD3 및 c-MET에의 결합성을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 c-MET 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다. 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출에 의한 생체활성의 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. 입증된 종간 특이적 이중특이적 결합 및 동원된 세포독성을 기초로 하여 추가 사용될 종간 특이적 결합 분자를 선택하였다.

[1014] 27.3. c-MET에 결합하는 종간 특이적 단일쇄 항체 단편(scFv)의 생성 및 유세포분류 결합 분석

[1015] c-MET에 대한 종간 특이성을 나타내는 scFv는 전술한 바와 같이 생성되었고 하기 표 11에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1016] [표 11]

종간 특이적 단일 쇄 항체 단편의 명칭

서열번호(핵산/단백질)	명칭
1649/1648	ME06F2HL
1635/1634	ME06E10HL
1621/1620	ME06D2HL
1607/1606	ME06D1HL
1579/1578	ME06C7HL
1565/1564	ME06C6HL
1593/1592	ME06B7HL
1551/1550	ME05F6HL
1523/1522	ME05D7HL
1537/1536	ME05B7HL
1509/1508	ME99B1HL
1495/1494	ME75H6HL

[1017]

[1018] 인간 c-MET를 발현하는 CHO 세포(실시예 27.1에 기재됨) 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET를 발현하는 CHO 세포(실시예 27.1에 기재됨)를 사용한, c-MET에 대한 종간 특이성을 나타내는 scFv를 함유하는 원형질막공간 제제의 유세포분류 결합 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. c-MET에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 scFv의 결합은 도 56에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군에 비해 c-MET에의 결합성을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 c-MET 항원에 대한 scFv 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[1019] 상기 scFv를 기초로 한 종간 특이적 결합 분자의 클로닝, 및 이 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다. 종간 특이적 이중특이적 결합의 유세포분류 분석, 및 시험관내 세포독성

분석에서 ^{51}Cr 방출에 의한 생체활성의 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. 입증된 종간 특이적 이중특이적 결합 및 동원된 세포독성을 기초로 하여 추가 사용될 종간 특이적 결합 분자를 선택하였다.

[1020] 선택된 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자에 함유된 c-MET에 대한 종간 특이성을 나타내는 비-인간 scFv의 인간/인간화된 등가물은 본원에 기재된 바와 같이 생성하였다. 인간/인간화된 scFv를 기초로 한 종간 특이적 결합 분자의 클로닝, 및 이 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다. 종간 특이적 이중특이적 결합의 유세포분류 분석, 및 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출에 의한 생체활성의 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. 입증된 종간 특이적 이중특이적 결합 및 동원된 세포독성을 기초로 하여 추가 사용될 종간 특이적 결합 분자를 선택하였다.

[1021] 28. 엔도시알린 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 생성 및 특징규명

[1022] 28.1. 인간 엔도시알린을 발현하는 CHO 세포의 생성

[1023] 진뱅크에 공개된 인간 엔도시알린의 코딩 서열(검색 번호 NM_020404)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 인간 엔도시알린의 코딩 서열을 함유하고, 이어서 플래그 태그 및 정지 코돈의 코딩 서열을 함유하도록 디자인되었다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 913 및 914에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 XbaI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 XbaI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[1024] 28.2. 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린을 발현하는 CHO 세포의 생성

[1025] 표준 프로토콜에 따라 준비한 짧은꼬리 원숭이(시아노몰구스) 결장으로부터 수득된 cDNA에 대한 PCR을 2회 수행하여 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린의 cDNA 서열을 수득하였다. 제1 PCR을 위해 하기 반응 조건 및 하기 프라이머가 사용되었다: 95℃에서 5분, 1주기; 95℃에서 45초, 50℃에서 45초 및 72℃에서 2분, 40주기; 및 이어서 72℃에서 5분, 마지막 주기.

[1026] 전방향 프라이머: 5'-atatgaattcgccaccatgctgctgcgcctgttgctggcc-3'(서열번호 917)

[1027] 역방향 프라이머: 5'-gtcttcatcttcctcatcctcccc-3'(서열번호 918)

[1028] 제2 PCR을 위해 하기 반응 조건 및 하기 프라이머가 사용되었다: 95℃에서 5분, 1주기; 95℃에서 45초, 58℃에서 45초 및 72℃에서 2분, 40주기; 및 이어서 72℃에서 5분, 마지막 주기.

[1029] 전방향 프라이머: 5'-gtcaactacgttggtggcttcgagtg-3'(서열번호 919)

[1030] 역방향 프라이머: 5'-ggtctagatcacttatcgtcatcatctttgtagtccacgctggttctgcaggtctgc-3'(서열번호 920)

[1031] PCR 반응은 PCR 등급 베타인을 최종 농도 1 M까지 첨가함으로써 수행하였다. 이 PCR은 2개의 중첩 단편을 생성하였고, 이 중첩 단편들을 단리하여 PCR 프라이머를 사용하는 표준 프로토콜에 따라 서열분석함으로써 리더 펩티드의 코돈 9로부터 성숙 단백질의 코돈 733에 이르는 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린을 코딩하는 cDNA 서열의 일부를 수득하였다. 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린의 발현 구축물을 생성하기 위해, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 cDNA 단편을 수득하였다(상기 구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 915 및 916에 기재되어 있음). 이 구축물에서, 리더 펩티드의 코돈 9로부터 성숙 엔도시알린 단백질의 아미노산 733에 이르는 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린의 코딩 서열, 이어서 성숙 인간 엔도시알린 단백질의 아미노산 734부터 마지막 아미노산에 이르는 코딩 서열, 및 이어서 플래그 태그 및 정지 코돈의 코딩 서열을 인간 엔도시알린 단백질의 리더 펩티드의 아미노산 1 내지 8의 코딩 서열에 인 프레임으로 융합시켰다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고 DNA의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 XbaI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 유

전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 XbaI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[1032] 28.3. scFv-항체 단편과 엔도시알린의 종간 특이적 결합

[1033] 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 scFv-항체 단편의 cDNA를 수득하였다. cDNA 단편을 적절한 제한 부위를 통해 플라스미드 pComb3H5BFlag/His(후술되어 있음)에 클로닝하였는데, 상기 플라스미드 pComb3H5BFlag/His는 발현 구축물(예를 들어, scFv)이 scFv-단편과 HIs6-태그 사이에서 플래그 태그(DYKDDDDK, 서열번호 933)를 포함하고 추가 파지 단백질이 결실되었다는 점에서 원래의 pComb3H5BHis와 상이하다. 라이게이션 후, 플라스미드 DNA의 서열 검증된 클론을 열 충격 전능 에스케리키아 콜라이 TG1 또는 XL1 블루 100 ㎕에 형질전환시키고 카베니실린 LB-아가 상에 플레이팅하였다. 단일 콜로니를 LB 카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 LB) 100 ㎕ 내로 픽킹하였다.

[1034] 종간 특이적 단일쇄 항체의 코딩 서열을 함유하는 pComb3H5BHis로 형질전환된 에스케리키아 콜라이는 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. 적절한 신호 서열로 인해 scFv 쇄는 기능성 입체구조로 폴딩되는 원형질막공간 내로 배출된다.

[1035] 원형질막공간 소규모 제제를 위해 형질전환 플레이트로부터 단일 에스케리키아 콜라이 박테리아 콜로니를 픽킹하고 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지(예를 들어, 10 ㎖)에서 생장시켰다(수거 후 PBS(예를 들어, 1 ㎖)에 재용해시킴). -70℃에서 동결시키고 37℃에서 해동시키는 4 순환을 통해 온도 충격을 인가하여 박테리아 외막을 파괴시키고, scFv 분자를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액으로 방출시켰다. 온전한 세포 및 세포 데브리스를 원심분리를 이용하여 제거한 후, scFv-항체 단편을 함유하는 상청액을 수거하여 실시예 28.1에 기재된 인간 엔도시알린으로 형질감염된 CHO 세포 및 실시예 28.2에 기재된 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린 형질감염체를 사용한 후속 유세포분류 결합 분석에서 사용하였다.

[1036] 이를 위해, $2x10^5$개 세포의 세포주 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 단일쇄 항체를 함유하는 원형질막공간 제제 50 ㎕와 30분 동안 항온처리하였다. 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 비-표지된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 비-형질감염된 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[1037] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[1038] 도 46에 나타낸 바와 같이, scFv-항체 단편과 인간 및 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린 둘다의 특이적 결합이 음성 대조군과 비교할 때 입증될 수 있었다.

[1039] 28.4. 엔도시알린 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[1040] 인간 항체 생식세포주 VH 서열 VH1 1-03(을 CDR-H1(서열번호 910), CDR-H2(서열번호 911) 및 CDR-H3(서열번호 912)에 대한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VH를 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. VH1 1-03의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[1041] 5'ED-VH-A-XhoI

[1042] CCA GCT CTC GAG TCA GGA SCT GAG STG RWG AAG CCT GGG GCT TCA GTG AAG RTG TCC TGC AAG GCT TCT GGA TAC ACA TTC ACT(서열번호 921)

[1043] 3'ED-VH-B

[1044] AAT ATA TCC MAT CCA CTC AAG GCK CTK TCC AKK TSY CTG CYT CAY CCA GTG TAT AAC ATA GTC AGT GAA TGT GTA TCC AGA(서열번호 922)

[1045] 5'ED-VH-C

[1046] CTT GAG TGG ATK GGA TAT ATT AAT CCT TAT GAT GAT GAT ACTA CC TAC AAC CAG AAG TTC AAG GGC(서열번호 923)

[1047] 3'ED-VH-D

[1048] T GAG CTS CAT GTA GGC TGT GYT GGM GGA TKT GWC TMS AGT MAW TGT GRC CYG GCC CTT GAA CTT CTG GTT(서열번호 924)

[1049] 5'ED-VH-E

[1050] C ACA GCC TAC ATG SAA CTC ARC AGC CTG ASA TCT GAG GAC ACT GCA GTC TAT TAC TGT GCA AGA AGG GGG(서열번호 925)

[1051] 3'ED-VH-F-BstEII

[1052] CCT GAT GGT GAC CAA GGT TCC TTG ACC CCA GTA GTC CAT AGA ATA GTC GAA GTA ACC ATC ATA GGA GTT CCC CCT TCT TGC ACA GTA(서열번호 926)

[1053] 이 프라이머 세트는 전체 상응하는 VH 서열을 커버한다.

[1054] 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[1055] 이어서, VH PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VH의 경우 약 350 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VH DNA 단편을 증폭하였다.

[1056] 인간 항체 생식세포주 VL 서열 VkI L8(http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/)을 CDR-L1(서열번호 907), CDR-L2(서열번호 908) 및 CDR-L3(서열번호 909)을 위한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VL 각각을 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. 추후 올리고뉴클레오티드 내에서의 클로닝에 필요한 제한 부위는 결실된다. VkI L8의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[1057] 5'ED-VL-A-SacI

[1058] CCA GTC GAG CTC CAG CTG ACC CAG TCT CMA ARM TTC MTG TCC RCA TCA GTA GGA GAC AGA GTC NNS ATC ACC TGC AGG GCC AG(서열번호 927)

[1059] 3'ED-VL-B

[1060] TCC TGG TTT CTG TTG ATA CCA GGC TAC AGC AGT ACC CAC ATT CTG ACT GGC CCT GCA GGT GAT(서열번호 928)

[1061] 5'ED-VL-C

[1062] TAT CAA CAG AAA CCA GGA MAA KCC CCT AAA TTA CTG ATT TACT CG GCA TCG AAT CGG TAC ACT GGA GTC CCT(서열번호 929)

[1063] 3'ED-VL-D

[1064] GCT GAT GGT GAG AGT GAA MTC TGT CCC AGA TCC ACT GCC TGA GAA GCG AYY AGG GAC TCC AGT GTA CCG(서열번호 930)

[1065] 5'ED-VL-E

[1066] TTC ACT CTC ACC ATC AGC ART MTG CAG YCT GAA GAC YTS GCA RMT TAT TWC TGC CAG CAA TAT ACC AAC(서열번호 931)

[1067] 3'ED-VL-F-BsiWI/SpeI

[1068] CCT GAT ACT AGT CGT ACG TTT TAT TTC CAG CTT GGT CCC CTG TCC AAA CGT ATA CAT GGG ATA GTT GGT ATA TTG CTG GCA(서열번호 932)

[1069] 이 프라이머 세트는 전체 상응하는 VL 서열을 커버한다.

[1070] 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[1071] 이어서, VL PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VL의 경우 약 330 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VL DNA 단편을 증폭하였다.

[1072] 그 다음, 파지 디스플레이 벡터 pComb3H5Bhis 내에서 최종 VH1 1-03-기재 VH PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VH의 레파토리)을 최종 VkI L8-기재 VL PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VL의 레파토리)과 조합하여, 기능성 scFv로 구성된 라이브러리를 형성하였는데, 섬유상 파지 상에서의 디스플레이 후 상기 라이브러리로부터 항-c-MET 결합제가 다음과 같이 선별되고, 스크리닝되고, 동정되고 확인된다.

[1073] 경쇄 단편(SacI 및 SpeI로 절단됨) 450 ng을 파지미드 pComb3H5Bhis(SacI 및 SpeI로 절단됨; 큰 단편) 1400 ng과 라이게이션시켰다. 이어서, 생성된 조합 항체 라이브러리를 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm, 바이오라드 진-펄서)으로 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 내로 형질전환시켜 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 라이브러리를 생성하였다. 1시간의 표현형 발현 후, 양성 형질전환체를 액체 수퍼 브로쓰(SB) 밤샘 배양물 100 ㎖ 중에서 pComb3H5BHis 벡터에 의해 코딩된 카베니실린 내성에 대해 선별하였다. 이어서, 세포를 원심분리로 수거하고, 플라스미드 준비를 상업적으로 입수가능한 플라스미드 제제 키트(퀴아젠)를 사용하여 수행하였다.

[1074] VL 라이브러리를 함유하는 이 플라스미드-DNA(XhoI 및 BstEII로 절단됨; 큰 단편) 2800 ng을 중쇄 V 단편(XhoI 및 BstEII로 절단됨) 900 ng과 라이게이션시키고, 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm)으로 전기전능 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 분취액 내로 다시 형질전환시켜 라이브러리 크기가 10^7개를 초과하는 독립적인 클론의 총 VH-VL scFv(단일쇄 가변 단편) 라이브러리를 발생시켰다.

[1075] 표현형 발현 및 카베니실린에의 느린 적응 후, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 SB-카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 SB) 선별 배지 내로 옮겼다. 그 다음, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 10^{12}개 입자의 감염 투여량의 헬퍼 파지 VCSM 13으로 감염시켜 섬유상 M13 파지를 생성하고 분비시켰는데, 이때 파지 입자는 뮤린 scFv-단편을 코딩하는 단일 가닥 pComb3H5BHis-DNA를 함유하고 파지 코트 단백질 III과의 번역 융합체로서 상응하는 scFv-단백질을 디스플레이하였다. 항체 라이브러리를 디스플레이하는 이러한 파지 풀은 추후에 항원 결합 물질의 선별에 사용되었다.

[1076] 이를 위해, 클로닝된 scFv 레파토리를 보유하는 파지 라이브러리를 PEG8000/NaCl 침전 및 원심분리를 이용하여 배양물 상청액 각각으로부터 수거하였다. 약 10^{11} 내지 10^{12}개의 scFv 파지 입자를 PBS/0.1% BSA 0.4 ㎖에 재현탁시키고 10^5 내지 10^7 엔도시알린 형질감염된 CHO 세포(실시예 28.1 참조)와 함께 서서히 교반하면서 얼음 상에서 1시간 동안 항온처리하였다. 상기 엔도시알린 형질감염된 CHO 세포는 원심분리하여 수거하고 PBS에서 세척하고 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)에 재현탁시켰다. 엔도시알린 형질감염된 CHO 세포에 특이적으로 결합하지 않는 scFv 파지는 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)로 최대 5회 세척하여 제거하였다. 세척 후, 세포를 HCl-글리신(pH 2.2)(후속 볼텍싱과 함께 10분 동안 항온처리)에 재현탁시키고 2 M 트라이스(pH 12)로 중화시켜 세포로부터 결합 물질을 용출하고, 용출물을 새로운 비-감염된 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 배양물(OD600 > 0.5)의 감염에 사용하였다. 인간/인간화된 scFv-단편을 코딩하는 파지미드 카피로 성공적으로 형질도입된 에스케리키아 콜라이 세포를 함유하는 에스케리키아 콜라이 배양물을 카베니실린 내성에 대해 다시 선별한 후 VCMS 13 헬퍼 파지로 감염시켜 항체 디스플레이 및 시험관내 선별의 제2 순환을 개시하였다. 통상적으로 총 4 또는 5 순환의 선별을 수행하였다.

[1077] 엔도시알린 특이적 결합제를 스크리닝하기 위해, 4 및 5 순환 패닝에 상응하는 플라스미드 DNA를 선별 후 에스케리키아 콜라이 배양물로부터 단리하였다. 가용성 scFv-단백질의 제조를 위해, VH-VL-DNA 단편을 플라스미드로부터 절단하였다(XhoI-SpeI). 이 단편들을 동일한 제한 부위를 통해 플라스미드 pComb3H5BFlag/His에 클로닝하였는데, 상기 플라스미드 pComb3H5BFlag/His는 발현 구축물(예를 들어, scFv)이 scFv와 HIs6-태그 사이에서 플래그 태그(DYKDDDDK)를 포함하고 추가 파지 단백질이 결실되었다는 점에서 원래의 pComb3H5BHis와 상이하다. 라이게이션 후, 플라스미드 DNA의 풀 각각(패닝의 상이한 순환)을 열 충격 전능 에스케리키아 콜라이 TG1 또는 XL1 블루 100 ㎕에 형질전환시키고 카베니실린 LB-아가 상에 플레이팅하였다. 단일 콜로니를 LB 카베니실린(50 ㎍/㎖) 100 ㎕ 내로 픽킹하였다.

[1078] VL- 및 VH-분절을 함유하는 pComb3H5BHis로 형질전환된 에스케리키아 콜라이는 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. 적절한 신호 서열로 인해 scFv 쇄는 기능성 입체구조로 폴딩되는 원형질막공간 내로 배출된다.

[1079] 원형질막공간 소규모 제제를 위해 형질전환 플레이트로부터 단일 에스케리키아 콜라이 TG1 박테리아 콜로니를 픽킹하고 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지(예를 들어, 10 ㎖)에서 생장시켰다(수거 후 PBS(예를 들어, 1 ㎖)에 재용해시킴). -70℃에서 동결시키고 37℃에서 해동시키는 4 순환을 통해 온도 충격을 인가하여 박테리아 외막을 파괴시키고, scFv를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액으로 방출시켰다. 온전한 세포 및 세포 데브리스를 원심분리를 이용하여 제거한 후, 항-엔도시알린 scFv를 함유하는 상청액을 수거하여 다음과 같이 엔도시알린 특이적 결합제의 동정을 위해 사용하였다:

[1080] scFv와 엔도시알린의 결합은 엔도시알린 형질감염된 CHO 세포(실시예 28.1 참조)에 대한 유세포분류로 시험하였는데, 이때 비-형질감염된 CHO 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[1081] 유세포분류를 위해, $2.5x10^5$개의 세포를 scFv 원형질막공간 제제 50 ㎕와 함께, 또는 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕ 중의 정제된 scFv 5 ㎍/㎖와 함께 항온처리하였다. scFv의 결합을 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 2 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-His 항체(펜타-His 항체, BSA 무함유, 퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재)로 검출하였다. 제2 단계로서, 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 1:100의 비로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)를 사용하였다. 샘플을 FACSscan(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[1082] 그 다음, 유리한 성질 및 아미노산 서열에 대해 단일 클론을 분석하였다. Gly_4Ser_1-링커를 통해 엔도시알린 특이적 scFv를 CD3 특이적 scFv I2C(서열번호 185) 또는 본 발명의 임의의 다른 CD3 특이적 scFv와 연결하여 도메인 정렬 $VH_{엔도시알린}$-$(Gly_4Ser_1)_3$-$VL_{c엔도시알린}$-$Ser_1Gly_4Ser_1$-VH_{CD3}-$(Gly_4Ser_1)_3$-VL_{CD3} 또는 대안적 도메인 정렬을 갖는 구축물을 생성함으로써 PSCA 특이적 scFv를 재조합 이중특이적 단일쇄 항체로 전환시켰다. CHO 세포에서의 발현을 위해, (i) 코작 컨센서스 서열 내에 묻혀있는 개시 코돈을 포함하는 N-말단 면역글로불린 중소 리더, 및 (ii) C-말단 His6 태그에 이어서 정지 코돈으로 구성된 코딩 서열을 이중특이적 단일쇄 항체를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 인 프레임으로 연결시킨 후, 유전자 합성에 의해 수득된 DNA 단편을 발현 벡터 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150) 내로 삽입시켰다. 서열 검증된 뉴클레오티드를 갖는 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-566)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가하면서 첨가하여 유도하였다.

[1083] 28.5. 이중특이적 단일쇄 분자의 발현 및 정제

[1084] 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 전술된 바와 같이 CHO 세포 또는 HEK293 세포에서 발현시켰다.

[1085] 발현된 이중특이적 단일쇄 항체의 단리 및 분석도 실시예 9에 전술되어 있다.

[1086] 28.6. 엔도시알린 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[1087] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린 및 CD3 각각과의 결합 능력 면에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, FACS 분석을 수행하였다. 이를 위해, 실시예 28.1에 기재된 바와 같이 인간 엔도시알린으로 형질감염된 CHO 세포 및 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483)을 사용하여 인간 항원과의 결합을 시험하였다. 짧은꼬리 원숭이 항원에 대한 결합 반응성은 실시예 28.2에 기재

된 바와 같이 생성된 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린 형질감염체 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx(피켄쉐르(Fickenscher) 교수(Hygiene Institute, Virology, Erlangen-Nuernberg)에 의해 제공됨; 문헌(Knappe A, et al., and Fickenscher H., Blood 2000, 95, 3256-61)에 기재되어 있음)를 사용하여 시험하였다. $2x10^5$개 세포의 세포주 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 상청액 50 ㎕와 30분 동안 항온처리하였다. 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 비-표지된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다.

[1088] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[1089] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 엔도시알린에 대한 이중특이적 결합을 보이는 구축물만이 추가 사용을 위해 선택되었다.

[1090] 28.7. 엔도시알린 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[1091] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, 실시예 28.1에 기재된 바와 같이 인간 엔도시알린으로 형질감염된 CHO 세포 및 실시예 28.2에 기재된 바와 같이 짧은꼬리 원숭이 엔도시알린으로 형질감염된 CHO 세포를 사용하여 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출을 통해 분석하였다. 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였다.

[1092] 자극된 인간 PBMC의 생성은 실시예 11에 기재되어 있다.

[1093] 표적 세포를 준비하고 실시예 11에서 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 기재된 절차와 유사하게 분석을 수행하였다.

[1094] 엔도시알린에 대한 양성을 나타내는 세포에 대한 이펙터 세포의 세포독성의 강력한 동원을 보이는 구축물만이 추가 사용을 위해 선택되었다.

[1095] 29. CD248(엔도시알린) 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 특징규명

[1096] 29.1. CD248 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[1097] 종간 특이적 결합 분자의 클로닝

[1098] 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 CD248에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 12에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1099] [표 12]

항-CD3 및 항-CD248 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

[1100]

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
1665/1664	EN00B12HLxl2CHL
1679/1678	EN00C3HLxl2CHL
1693/1692	EN01D5HLxl2CHL
1707/1706	EN00E4HLxl2CHL
1721/1720	EN00F7HLxl2CHL
1735/1734	EN00H6HLxl2CHL

[1101] 일반적으로, 상기 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다.

[1102] CD248 및 CD3 간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. CD248에 대

한 종간 특이성 및 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 58에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군에 비해 CD3 및 CD248에의 결합성을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 CD248 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[1103] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성은 전술한 바와 같이 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출에 의해 분석되었다. 도 59에 나타난 바와 같이, 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 인간 CD248 양성 표적 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 CD248 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다.

[1104] 30. EpCAM 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 생성 및 특징규명

[1105] 30.1. CHO 세포에 대한 인간 EpCAM 항원의 클로닝 및 발현

[1106] 인간 EpCAM 항원의 서열('NM_002354, 호모 사피엔스 종양-관련 칼슘 신호 전달도입제 1(TACSTD1), mRNA, 국립생명공학정보 센터, http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entez)을 사용하여 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성을 수행하여 합성 분자를 수득하였다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고 DNA의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 XbaI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 발현 플라스미드 pEF-DHFR(상기 문헌(Raum et al.)에 기재되어 있음) 내로의 클로닝 단계에서 사용하였다. 서열 검증 후, 상기 플라스미드를 사용하여 다음과 같이 CHO/DHRF-결여 세포를 형질감염시켰다. 서열 검증된 플라스미드를 사용하여 CHO/DHRF-결여 세포[ATCC 번호 CRL-9096; 안정화된 글루타민(바이오크롬 아게(독일 베를린 소재)로부터 구입됨)을 함유하고, 10% FCS, 1% 페니실린/스트렙토마이신(바이오크롬 아게(독일 베를린 소재)로부터 구입됨) 및 뉴클레오시드(시그마-알드리치 케미 게엠베하(독일 타우프키르켄 소재)로부터 구입된 세포 배양 등급 시약의 저장 용액으로부터 최종 농도 10 ㎍/㎖의 아데노신, 10 ㎍/㎖의 데옥시아데노신 및 10 ㎍/㎖의 티미딘)로 보충된 RPMI 1640에서 37℃, 95% 습도 및 7% CO_2의 항온처리기 내에서 배양됨]를 형질감염시켰다. 형질감염은 폴리펙트 형질감염 시약(퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재) 및 플라스미드 DNA 5 ㎍을 사용하여 제조자의 프로토콜에 따라 수행하였다. 24시간 동안 배양한 후, 세포를 PBS로 1회 세척하고, 뉴클레오시드로 보충되지 않고 투석된 FCS(바이오크롬 아게(독일 베를린 소재)로부터 구입됨)가 사용된 점을 제외하고 상기 세포 배양 배지와 동일한 세포 배양 배지에서 다시 배양하였다. 따라서, 세포 배양 배지는 뉴클레오시드를 함유하지 않으므로 형질감염된 세포에 대한 선별이 이루어졌다. 형질감염으로부터 약 14일 후, 내성 세포의 과도한 생장이 관찰되었다. 추가 7 내지 14일 후, 형질감염체는 FACS를 통해 EpCAM 발현에 대해 양성으로 시험되었다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-566)에 기재된 바와 같이 수행되었다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시키면서 MTX를 첨가함으로써 유도하였다.

[1107] 30.2. EpCAM 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[1108] 일반적으로, 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 항원에 대한 결합 특이성을 나타내는 도메인뿐만 아니라 인간 EpCAM 항원에 대한 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 13에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1109] [표 13]

항-CD3 및 항-EpCAM 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
945/944	Ep 5-10 LH x I2C HL
949/948	Ep 5-10 LH x F12Q HL
947/946	Ep 5-10 LH x H2C HL
961/960	hEp 14-A1 LH x I2C HL
973/972	hEp 14-D2 LH x I2C HL
985/984	hEp 14-H8 LH x I2C HL
997/996	hEp 14-A6 LH x I2C HL
1009/1008	hEp 14-D1 LH x I2C HL
1033/1032	hEp 14-H4 LH x I2C HL
1045/1044	hEp 17-A6 LH x I2C HL
1057/1056	hEp 17-E9 LH x I2C HL
1079/1078	hEp 18-E3 LH x I2C HL
1091/1090	hEp 18-F11 LH x I2C HL
1103/1102	hEp 18-F12 LH x I2C HL
1115/1114	hEp 18-G1 LH x I2C HL
1127/1126	hEp 18-G9 LH x I2C HL
1021/1020	hEp 14-G6 LH x I2C HL
1777/1776	hEp 18-A6 LH x I2C HL

[1110]

[1111] 인간 EpCAM에 대한 특이성을 나타내는 가변 경쇄(VL) 및 가변 중쇄(VH) 도메인, 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 CD3 특이적 VH 및 VL 조합물을 함유하는 상기 구축물은 유전자 합성으로 수득하였다. 유전자 합성 단편을 디자인하고, 진핵 단백질 발현을 MCSPxCD3 종간 특이적 단일쇄 분자에 대해 실시예 9에 기재된 절차와 유사하게 수행하였다.

[1112] 30.3. 단일 도메인 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 발현 및 정제

[1113] 단일 도메인 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 MCSPxCD3 종간 특이적 단일쇄 항체에 대해 전술한 바와 같이 CHO 세포 또는 HEK293 세포에서 발현시켰다.

[1114] 발현된 이중특이적 단일쇄 항체의 단리 및 분석도 실시예 9에 기재되어 있다.

[1115] 30.4. EpCAM 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[1116] 인간 EpCAM 및 인간/짧은꼬리 원숭이 CD3과의 결합 능력 면에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, FACS 분석을 수행하였다. 이를 위해, 실시예 30.1에 기재된 바와 같이 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포 및 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483)을 사용하여 인간 항원과의 결합을 조사하였다. 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 결합 반응성은 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx(피켄쉐르(Fickenscher) 교수(Hygiene Institute, Virology, Erlangen-Nuernberg)에 의해 제공됨; 문헌(Knappe A, et al., and Fickenscher H: Herpesvirus saimiri-transformed macaque T cells are tolerated and do not cause lymphoma after autologous reinfusion. Blood 2000, 95, 3256-61)에 기재되어 있음)를 사용하여 시험하였다. $2x10^5$개 세포의 세포 집단 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 정제된 단백질 50 ㎕(예를 들어, 2 ㎍/㎖)와 30분 동안 항온처리하였다. 대안적으로, 일시적으로 생성된 단백질의 세포 배양물 상청액을 사용하였다. 세포를 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 비-표지된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 새로운 배양 배지를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[1117] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[1118] 모든 EpCAM-유도된 이중특이적 단일쇄 분자의 결합 능력이 도 60에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 배양 배지 및 1 및 2의 검출 항체를 사용하는 음성 대조군에 비해 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 인간 EpCAM에 대한 결합을 보였다. 요약하건대, 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 인간 EpCAM에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 명확히 입증될 수 있었다.

[1119] 30.5. EpCAM 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[1120] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, 실시예 30.1에 기재된 EpCAM 양성 세포주를 사용하여 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출을 통해 분석하였다. 자극된 인간 CD8 양성 T 세포 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였다.

[1121] 자극된 CD8+ T 세포는 다음과 같이 수득되었다.

[1122] 자극된 인간 PBMC의 생성은 실시예 11에 기재되어 있다.

[1123] 표적 세포를 준비하고 실시예 11에서 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 기재된 절차와 유사하게 분석을 수행하였다.

[1124] 도 61 내지 66에 나타낸 바와 같이, 표시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 인간 CD8+ 세포에 의해 유발된 인간 EpCAM 양성 표적 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 인간 EpCAM 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다. 관련 없는 이중특이적 단일쇄 항체를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[1125] 30.6. CHO 세포 내로의 뮤린 EpCAM 항원 및 인간-뮤린 EpCAM 하이브리드 항원의 클로닝 및 발현

[1126] 마우스 EpCAM 항원의 서열('NM_008532, 머스 머스쿨러스 종양-관련 칼슘 신호 전달도입제 1(TACSTD1), mRNA, 국립 생명공학정보 센터, http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entez)을 사용하여 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성을 수행하여 합성 분자를 수득하였다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고 DNA의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 XbaI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 발현 플라스미드 pEF-DHFR에 기재되어 있음) 내로의 클로닝 단계에서 사용하였다. 서열 검증 후, 상기 플라스미드를 사용하여 실시예 30.1에 기재된 바와 같이 CHO/DHRF-결여 세포를 형질감염시켰다. 인간-뮤린 EpCAM 하이브리드 항원은 뮤린 엑손 2(아미노산 26 내지 61)를 인간 엑손 2 아미노산으로 치환시켜 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물에 의해 인식되는 에피토프의 동정을 가능하게 함으로써 생성하였다. 유추된 서열을 사용하여 유전자 합성을 수행하여 합성 분자를 수득하였고, CHO 세포를 전술한 바와 같이 형질감염시켰다.

[1127] 30.7. 다양한 EpCAM 항원에 대한 EpCAM 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[1128] 인간 EpCAM, 뮤린 EpCAM 또는 인간-마우스 하이브리드 EpCAM 상의 다양한 에피토프와의 결합 능력 면에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 결합 능력을 분석하기 위해, FACS 유세포분류를 수행하였다. 이를 위해, 실시예 1에 기재된 바와 같이 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포, 뮤린 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포(실시예 30.6) 및 인간-마우스 하이브리드 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포(실시예 30.6)를 사용하여 다양한 결합 패턴을 조사하였다. $2x10^5$개 세포의 세포 집단 각각을 얼음 상에서 일시적으로 생성된 단백질의 세포 배양물 상청액 50 ㎕와 30분 동안 항온처리하였다. 대안적으로, 일시적으로 생성된 단백질의 세포 배양물 상청액을 사용하였다. 세포를 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 비-표지된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:20의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 이중특이적 단일쇄 항체 분자로 형질감염된 CHO 세포의 세포 배양물 상청액 대신에 새로운 배양 배지를 음성 대조군으로서 사용하였다. 뮤린 EpCAM의 발현을 위한 양성 대조군으로서, 뮤린 EpCAM에 대한 특이성을 나타내는 래트-유래된 비-표지된 항체(비디 파밍겐(독일 하이델베르그 소재), #552370, 래트 IgG2α,κ)에 이어서 PE-표지된 항-Rat IgG2α,κ 특이적 항체(비디 파밍겐(독일 하이델베르그 소재), #553930)를 사용한 검출을 이용하였다.

[1129] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다. 비교를 위해, 형광 강도의 평균 값을 사용하여 막대그

래프를 작성하였다.

[1130] 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO 세포에 대한 모든 EpCAM-유도된 이중특이적 단일쇄 분자의 결합 능력은 도 67에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. 인간 EpCAM 특이적 분자 중 어느 것도 뮤린 EpCAM과의 결합을 분석하였을 때 음성 대조군보다 유의하게 더 높은 평균 값을 나타내지 않았다. 인간-마우스 EpCAM 하이브리드 항원에 대한 인간 EpCAM 특이적 단일쇄 이중특이적 항체 분자의 결합 성질은 2 세트의 분자를 제공하였다: 인간-마우스 EpCAM 하이브리드 항원(HD69 HL x I2C HL)에 대한 검출가능한 결합을 보이지 않는 분자, 및 인간 EpCAM 항원에 대한 결합 강도 수준과 거의 유사한 평균 형광 강도를 보이는 분자(hEp 14-A1 LH x I2C HL; hEp 14-H8 LH x I2C HL; hEp 14-A6 LH x I2C HL; hEp 14-D1 LH x I2C HL; hEp 14-H4 LH x I2C HL; hEp 17-A6 LH x I2C HL; hEp 17-E9 LH x I2C HL; hEp 18-E3 LH x I2C HL; hEp 18-F11 LH x I2C HL; hEp 18-F12 LH x I2C HL; hEp 18-G1 LH x I2C HL; hEp 18-G9 LH x I2C HL; 구축물들에 대한 서열번호는 표 13 참조). 인간 EpCAM 특이적 단일쇄 이중특이적 항체 분자의 상기 2 세트의 분기하는 결합 패턴은 인간 EpCAM 항원 상의 다양한 에피토프를 입증한다. 뮤린 EpCAM의 골격 내로의 인간 EpCAM 엑손 2 도메인의 이식은 본 발명의 EpCAM-유도된 이중특이적 단일쇄 분자에 의한 결합이 일어나게 하지만 HD69 HL x I2C HL 분자에 의한 결합은 일어나게 하지 않는다.

[1131] 띠리사. 본 발명의 EpCAM-CD3 이중특이적 단일쇄 항체의 제2 결합 도메인은 EpCAM 유전자의 엑손 2에 의해 코딩되는 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1의 아미노산 잔기 26 내지 61에 위치하는 에피토프에 결합한다. EpCAM 유전자의 엑손 2에 의해 코딩되는 인간 EpCAM의 EGF-유사 도메인 1의 아미노산 잔기 26 내지 61은 서열번호 1130에 기재되어 있다.

[1132] 따라서, 본 발명의 EpCAM-유도된 이중특이적 단일쇄 분자의 에피토프는 인간 EpCAm의 엑손 2 영역으로 맵핑되지만, EpCAM의 다른 영역은 HD69 HL x I2C HL 분자의 에피토프를 형성하는 데 참여한다. 따라서, 본 발명의 EpCAM-유도된 이중특이적 단일쇄 분자는 자신만의 독특한 클래스의 EpCAM-결합 분자를 형성한다(즉, EpCAM-결합제 HD69를 기초로 한 공지된 EpCAM-결합 분자와는 명확히 구별됨).

[1133] 31. FAP α 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 생성 및 특징규명

[1134] 31.1. 인간 FAP α를 발현하는 CHO 세포의 생성

[1135] 진뱅크에 공개된 인간 FAP α의 코딩 서열(검색 번호 NM_004460)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 인간 FAP α 단백질 및 정지 코돈의 코딩 서열을 함유하도록 디자인되었다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 1149 및 1150에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 XmaI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 XmaI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[1136] 31.2. 짧은꼬리 원숭이 FAP α를 발현하는 CHO 세포의 생성

[1137] 표준 프로토콜에 따라 준비한 짧은꼬리 원숭이 피부로부터 수득된 cDNA에 대한 PCR을 4회 수행하여 짧은꼬리 원숭이(시아노몰구스) FAP α의 cDNA 서열을 수득하였다. 제1 PCR을 위해 하기 반응 조건 및 하기 프라이머가 사용되었다: 94℃에서 3분, 1주기; 94℃에서 0.5분, 56℃에서 0.5분 및 72℃에서 3분, 40주기; 및 이어서 72℃에서 3분, 마지막 주기.

[1138] *전방향 프라이머: 5'-cagcttccaactacaaagacagac-3'(서열번호 1153)

[1139] 역방향 프라이머: 5'-tttcctcttcataaacccagtctgg-3'(서열번호 1154)

[1140] 전방향 프라이머: 5'-ttgaaacaaagaccaggagatccacc-3'(서열번호 1155)

[1141] 역방향 프라이머: 5'-agatggcaagtaacacacttcttgc-3'(서열번호 1156)

[1142] 전방향 프라이머: 5'-gaagaaacatctacagaattagcattgg-3'(서열번호 1157)

[1143] 역방향 프라이머: 5'-cacatttgaaaagaccagttccagatgc-3'(서열번호 1158)

[1144] 전방향 프라이머: 5'-agattacagctgtcagaaaattcatagaaatgg-3'(서열번호 1159)

[1145] 역방향 프라이머: 5'-atataaggttttcagattctgatacaggc-3'(서열번호 1160)

[1146] 이 PCR은 4개의 중첩 단편을 생성하였고, 이 중첩 단편들을 단리하여 PCR 프라이머를 사용하는 표준 프로토콜에 따라 서열분석함으로써 짧은꼬리 원숭이 FAFα를 코딩하는 cDNA 서열을 수득하였다. 짧은꼬리 원숭이 FAFα의 발현 구축물을 생성하기 위해, 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성으로 cDNA 단편을 수득하였다(상기 구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 1151 및 1152에 기재되어 있음). 이 구축물은 짧은꼬리 원숭이 FAFα에 이어서 정지 코돈의 완전한 코딩 서열을 함유한다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 함유하고 DNA의 시작 부분 및 종결 부분에서 제한 부위를 함유하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에서 사용하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[1147] 31.3. FAFα 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[1148] 종간 특이적 결합 분자의 클로닝

[1149] 일반적으로, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 FAFα에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 14에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1150] [표 14]

항-CD3 및 항-FAP 알파 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

[1151]

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
1144/1143	FAPA-1 LH x I2C HL
1148/1147	FAPA-1 LH x F12Q HL
1146/1145	FAPA-1 LH x H2C HL

[1152] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 FAFα에 대한 종간 특이성을 나타내는 가변 경쇄(VL) 및 가변 중쇄(VH) 도메인, 및 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 CD3 특이적 VH 및 VL 조합물을 함유하는 상기 구축물은 유전자 합성으로 수득하였다. 유전자 합성 단편을 디자인하고, 진핵 단백질 발현을 MCSPxCD3 종간 특이적 단일쇄 분자에 대해 실시예 9에 기재된 절차와 유사하게 수행하였다.

[1153] 31.4. 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 발현 및 정제

[1154] 이중특이적 단일쇄 항체 분자를 MCSPxCD3 종간 특이적 단일쇄 항체에 대해 전술한 바와 같이 CHO 세포 또는 HEK293 세포에서 발현시켰다.

[1155] 발현된 이중특이적 단일쇄 항체의 단리 및 분석도 실시예 9에 기재되어 있다.

[1156] 31.5. FAFα 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석

[1157] 인간 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα 및 CD3과의 결합 능력 면에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 기능성을 시험하기 위해, FACS 분석을 수행하였다. 이를 위해, 실시예 31.1에 기재된 바와 같이 인간 FAPα로 형질감염된 CHO 세포 및 인간 CD3 양성 T 세포 백혈병 세포주 HPB-ALL(DSMZ, 브라운슈베이그, ACC483)을 사용하여 인간

항원과의 결합을 시험하였다. 짧은꼬리 원숭이 항원에 대한 결합 반응성은 실시예 31.2에 기재된 생성된 짧은꼬리 원숭이 FAP α 형질감염체 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx(피켄쉐르(Fickenscher) 교수(Hygiene Institute, Virology, Erlangen-Nuernberg)에 의해 제공됨; 문헌(Knappe A, et al., and Fickenscher H., Blood 2000, 95, 3256-61)에 기재되어 있음)를 사용하여 시험하였다. $2x10^5$개 세포의 세포주 각각을 얼음 상에서 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포의 상청액 50 ㎕와 30분 동안 항온처리하였다. 세포를 2% FCS가 함유된 PBS로 2회 세척하고, 구축물의 결합을 비-표지된 뮤린 펜타 His 항체(퀴아젠; 2% FCS가 함유된 PBS 50 ㎕에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 세척 후, 결합된 항-His 항체를 파이코에리쓰린에 접합된 Fc 감마-특이적 항체(다이아노바)(2% FCS가 함유된 PBS에 1:100의 비로 희석됨)로 검출하였다. 비-형질감염된 세포의 상청액을 음성 대조군으로서 사용하였다.

[1158] 유세포분류를 FACS-Calibur 장치 상에서 수행하였고, 셀퀘스트 소프트웨어를 이용하여 데이터를 획득하고 분석하였다(벡톤 디킨슨 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재). 형광 강도의 FACS 염색 및 측정은 문헌(Current Protocols in Immunology (Coligan, Kruisbeek, Margulies, Shevach and Strober, Wiley-Interscience, 2002))에 기재된 바와 같이 수행하였다.

[1159] FAP α에 대한 종간 특이성 및 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 단일쇄 분자의 이중특이적 결합이 도 68에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군에 비해 CD3 및 FAP α에 대한 결합을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 FAP α 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[1160] 31.6. FAP α 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성

[1161] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성을, 실시예 31.1에 기재된 바와 같이 인간 FAP α로 형질감염된 CHO 세포 및 실시예 31.2에 기재된 바와 같이 짧은꼬리 원숭이 FAP α로 형질감염된 CHO 세포를 사용하여 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출을 통해 분석하였다. 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC 또는 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx를 이펙터 세포로서 사용하였다.

[1162] 자극된 인간 PBMC의 생성은 실시예 11에 기재되어 있다.

[1163] 표적 세포를 준비하고 실시예 11에서 MCSPxCD3 이중특이적 단일쇄 항체에 대해 기재된 절차와 유사하게 분석을 수행하였다.

[1164] 도 69에 나타낸 바와 같이, 표시된 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 인간 FAP α 양성 표적 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 FAP α 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다.

[1165] 31.7. 추가 FAP α 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 분자의 생성

[1166] 인간 항체 생식세포주 VH 서열 VH1 1-03(을 CDR-H1(서열번호 1137), CDR-H2(서열번호 1138) 및 CDR-H3(서열번호 1139)에 대한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VH를 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. VH1 1-03의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[1167] 5'FAP-VH-A-XhoI

[1168] CCG CTA CTC GAG TCT GGA SCT GAG STG RWG AAG CCT GGG GCT TCA GTA AAG(서열번호 1161)

[1169] 3'FAP-VH-B

[1170] CTG TCT CAC CCA GTG TAT GGT GTA TTC AGT GAA TGT GTA TCY AGA AGY CTT GCA GGA CAY CTT TAC TGA AGC CCC(서열번호 1162)

[1171] 5'FAP-VH-C

[1172] CAC TGG GTG AGA CAG KCC CMT GGA MAG AGM CTT GAG TGG ATK GGA GGT ATT AAT CCT AAC AAT GGT ATT CCT AAC TAC(서열번호 1163)

[1173] 3'FAP-VH-D

[1174] CAT GTA GGC GGT GCT GGM GGA CKT GYC TMY AGT TAW TGT GRC CCT GCC CTT GAA CTT CTG ATT GTA GTT AGG AAT

ACC(서열번호 1164)

[1175] 5'FAP-VH-E

[1176] AGC ACC GCC TAC ATG GAG CTC MGC AGC CTG ASA TCT GAG GAT ACT GCG GTC TAT TWC TGT GCA AGA AGA AGA ATC GCC(서열번호 1165)

[1177] 3'FAP-VH-F-BstEII

[1178] CCA GTA GGT GAC CAG GGT TCC TTG ACC CCA GTA GTC CAT AGC ATG GCC CTC GTC GTA ACC ATA GGC GAT TCT TCT TCT TGC ACA(서열번호 1166)

[1179] 이 프라이머 세트는 전체 상응하는 VH 서열을 커버한다.

[1180] 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[1181] 이어서, VH PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VH의 경우 약 350 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VH DNA 단편을 증폭하였다.

[1182] 인간 항체 생식세포주 VL 서열 VkII O11(http://vbase.mrc-cpe.cam.ac.uk/)을 CDR-L1(서열번호 1132), CDR-L2(서열번호 1133) 및 CDR-L3(서열번호 1134)을 위한 골격 환경으로서 선택하였다. 인간 VL 각각을 위해, 약 15 내지 20개의 뉴클레오티드로 구성된 말단 스트레치에서 중첩되는 여러 축퇴된 올리고뉴클레오티드를 합성해야 한다. 이를 위해, 모든 제2 프라이머는 안티센스 프라이머이다. 추후 올리고뉴클레오티드 내에서의 클로닝에 필요한 제한 부위는 결실된다. VkII O11의 경우, 하기 올리고뉴클레오티드 세트가 사용된다:

[1183] 5'FAP-VL-A-SacI

[1184] CGA CCT GAG CTC GTG ATG ACA CAG ACT CCA YYC TCC CTA SCT GTG ACA SYT GGA GAG MMG GYT TCT ATS AGC TGC AAG TCC AGT CAG(서열번호 1167)

[1185] 3'FAP-VL-B

[1186] AGA CTG CCC TGG CTT CTG CWG GWA CCA GGC CAA GTA GTT CTT TTG ATT ACG ACT ATA TAA AAG GCT CTG ACT GGA CTT GCA GCT(서열번호. 1168)

[1187] 5'FAP-VL-C

[1188] CAG AAG CCA GGG CAG TCT CCT MAA CTG CTG ATT TWC TGG GCA TCC ACTA GG GAA TCT GGG GTC CCT GAT CGC TTC TCA GGC AGT GGA(서열번호 1169)

[1189] 3'FAP-VL-D

[1190] ATA TTG CTG ACA GTM ATA AAC TSC CAS GTC CTC AGC CTS CAC WCT GCT GAT CKT GAG AKT GAA ATC CGT CCC ARA TCC ACT GCC TGA GAA(서열번호 1170)

[1191] 3'FAP-VL-E-BsiWI/SpeI

[1192] CCA GTA ACT AGT CGT ACG TTT GAT CTC CAC CTT GGT CCC ACC ACC GAA CGT GAG CGG ATA GCT AAA ATA TTG CTG ACA GT(서열번호 1171)

[1193] 이 프라이머 세트는 전체 상응하는 VL 서열을 커버한다.

[1194] 세트 내에서 프라이머들을 동량(예를 들어, 프라이머 각각 1 ㎕(프라이머 스톡 20 내지 100 μM) 내지 PCR 반응물 20 ㎕)으로 혼합하고, PCR 완충제, 뉴클레오티드 및 Taq 중합효소로 구성된 PCR 혼합물에 첨가하였다. 이 혼합물을 PCR 사이클러 내에서 94℃에서 3분, 65℃에서 1분, 62℃에서 1분, 59℃에서 1분, 56℃에서 1분, 52℃에서 1분, 50℃에서 1분 및 72℃에서 10분 동안 항온처리하였다. 그 후, 생성물을 아가로스 겔 전기영동으로 분리하고, 크기가 200 내지 400인 생성물을 표준 방법에 따라 겔로부터 단리하였다.

[1195] 이어서, VL PCR 생성물 각각을, N-말단 및 C-말단 적절한 클로닝 제한 부위를 도입하는 프라이머를 사용하는 표준 PCR 반응을 위한 주형으로서 사용하였다. 정확한 크기(VL의 경우 약 330 뉴클레오티드)의 DNA 단편을 표준 방법에 따라 아가로스 겔 전기영동으로 단리하였다. 이러한 방식으로, 충분한 VL DNA 단편을 증폭하였다.

[1196] 그 다음, 파지 디스플레이 벡터 pComb3H5Bhis 내에서 최종 VH1 1-03-기재 VH PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VH의 레파토리)을 최종 VkII O11-기재 VL PCR 생성물(즉, 인간/인간화된 VL의 레파토리)과 조합하여, 기능성 scFv로 구성된 라이브러리를 형성하였는데, 섬유상 파지 상에서의 디스플레이 후 상기 라이브러리로부터 항-c-MET 결합제가 다음과 같이 선별되고, 스크리닝되고, 동정되고 확인된다.

[1197] 경쇄 단편(SacI 및 SpeI로 절단됨) 450 ng을 파지미드 pComb3H5Bhis(SacI 및 SpeI로 절단됨; 큰 단편) 1400 ng과 라이게이션시켰다. 이어서, 생성된 조합 항체 라이브러리를 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm, 바이오라드 진-펄서)으로 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 내로 형질전환시켜 10^7개를 초과하는 독립적인 클론들의 라이브러리를 생성하였다. 1시간의 표현형 발현 후, 양성 형질전환체를 액체 수퍼 브로쓰(SB) 밤샘 배양물 100 ㎖ 중에서 pComb3H5BHis 벡터에 의해 코딩된 카베니실린 내성에 대해 선별하였다. 이어서, 세포를 원심분리로 수거하고, 플라스미드 준비를 상업적으로 입수가능한 플라스미드 제제 키트(퀴아젠)를 사용하여 수행하였다.

[1198] VL 라이브러리를 함유하는 이 플라스미드-DNA(XhoI 및 BstEII로 절단됨; 큰 단편) 2800 ng을 중쇄 V 단편(XhoI 및 BstEII로 절단됨) 900 ng과 라이게이션시키고, 전기천공(2.5 kV, 0.2 cm 갭 큐벳, 25 uFD, 200 Ohm)으로 전기전능 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 세포 300 ㎕ 분취액 내로 다시 형질전환시켜 라이브러리 크기가 10^7개를 초과하는 독립적인 클론의 총 VH-VL scFv(단일쇄 가변 단편) 라이브러리를 발생시켰다.

[1199] 표현형 발현 및 카베니실린에의 느린 적응 후, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 SB-카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 SB) 선별 배지 내로 옮겼다. 그 다음, 항체 라이브러리를 함유하는 에스케리키아 콜라이 세포를 10^{12}개 입자의 감염 투여량의 헬퍼 파지 VCSM 13으로 감염시켜 섬유상 M13 파지를 생성하고 분비시켰는데, 이때 파지 입자는 뮤린 scFv-단편을 코딩하는 단일 가닥 pComb3H5BHis-DNA를 함유하고 파지 코트 단백질 III과의 번역 융합체로서 상응하는 scFv-단백질을 디스플레이하였다. 항체 라이브러리를 디스플레이하는 이러한 파지 풀은 추후에 항원 결합 물질의 선별에 사용되었다.

[1200] *이를 위해, 클로닝된 scFv 레파토리를 보유하는 파지 라이브러리를 PEG8000/NaCl 침전 및 원심분리를 이용하여 배양물 상청액 각각으로부터 수거하였다. 약 10^{11} 내지 10^{12}개의 scFv 파지 입자를 PBS/0.1% BSA 0.4 ㎖에 재현탁시키고 10^5 내지 10^7 FAFα 형질감염된 CHO 세포(실시예 31.1 참조)와 함께 서서히 교반하면서 얼음 상에서 1시간 동안 항온처리하였다. 상기 FAFα 형질감염된 CHO 세포는 원심분리하여 수거하고 PBS에서 세척하고 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)에 재현탁시켰다. FAFα 형질감염된 CHO 세포에 특이적으로 결합하지 않는 scFv 파지는 PBS/1% FCS(나트륨 아지드를 함유함)로 최대 5회 세척하여 제거하였다. 세척 후, 세포를 HCl-글리신(pH 2.2)(후속 볼텍싱과 함께 10분 동안 항온처리)에 재현탁시키고 2 M 트라이스(pH 12)로 중화시켜 세포로부터 결합 물질을 용출하고, 용출물을 새로운 비-감염된 에스케리키아 콜라이 XL1 블루 배양물(OD600 > 0.5)의 감염에 사용하였다. 인간/인간화된 scFv-단편을 코딩하는 파지미드 카피로 성공적으로 형질도입된 에스케리키아 콜라이 세포를 함유하는 에스케리키아 콜라이 배양물을 카베니실린 내성에 대해 다시 선별한 후 VCMS 13 헬퍼 파지로 감염시켜 항체 디스플레이 및 시험관내 선별의 제2 순환을 개시하였다. 전형적으로 총 4 또는 5 순환의 선별을 수행하였다.

[1201] FAFα 특이적 결합제를 스크리닝하기 위해, 4 및 5 순환 패닝에 상응하는 플라스미드 DNA를 선별 후 에스케리키아 콜라이 배양물로부터 단리하였다. 가용성 scFv-단백질의 제조를 위해, VH-VL-DNA 단편을 플라스미드로부터 절단하였다(XhoI-SpeI). 이 단편들을 동일한 제한 부위를 통해 플라스미드 pComb3H5BFlag/His에 클로닝하였는데, 상기 플라스미드 pComb3H5BFlag/His는 발현 구축물(예를 들어, scFv)이 scFv와 HIs6-태그 사이에서 플래그 태그(DYKDDDDK)를 포함하고 추가 파지 단백질이 결실되었다는 점에서 원래의 pComb3H5BHis와 상이하다. 라이게이션 후, 플라스미드 DNA의 풀 각각(팬닝의 상이한 순환)을 열 충격 전능 에스케리키아 콜라이 TG1 또는 XL1 블루 100 ㎕에 형질전환시키고 카베니실린 LB-아가 상에 플레이팅하였다. 단일 콜로니를 LB 카베니실린(50 ㎍/㎖ 카베니실린을 함유하는 LB) 100 ㎕ 내로 픽킹하였다.

[1202] VL- 및 VH-분절을 함유하는 pComb3H5BHis로 형질전환된 에스케리키아 콜라이는 1 mM IPTG를 사용한 유도 후 충분한 양으로 가용성 scFv를 생성한다. 적절한 신호 서열로 인해 scFv는 기능성 입체구조로 폴딩되는 원형질막

공간 내로 배출된다.

[1203] 원형질막공간 소규모 제제를 위해 형질전환 플레이트로부터 단일 에스케리키아 콜라이 TG1 박테리아 콜로니를 픽킹하고 20 mM $MgCl_2$ 및 카베니실린 50 ㎍/㎖로 보충된 SB 배지(예를 들어, 10 ㎖)에서 생장시켰다(수거 후 PBS(예를 들어, 1 ㎖)에 재용해시킴). -70℃에서 동결시키고 37℃에서 해동시키는 4 순환을 통해 온도 충격을 인가하여 박테리아 외막을 파괴시키고, scFv를 포함하는 가용성 원형질막공간 단백질을 상청액으로 방출시켰다. 온전한 세포 및 세포 데브리스를 원심분리를 이용하여 제거한 후, 항-FAFα scFv를 함유하는 상청액을 수거하여 다음과 같이 FAFα 특이적 결합제의 동정을 위해 사용하였다:

[1204] scFv와 FAFα의 결합은 FAFα 형질감염된 CHO 세포(실시예 31.1 참조)에 대한 유세포분류로 시험하였는데, 이때 비-형질감염된 CHO 세포를 음성 대조군으로서 사용하였다.

[1205] 유세포분류를 위해, $2.5x10^5$개의 세포를 scFv 원형질막공간 제제 50 ㎕와 함께, 또는 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕ 중의 정제된 scFv 5 ㎍/㎖와 함께 항온처리하였다. scFv의 결합을 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 2 ㎍/㎖의 농도로 존재하는 항-His 항체(펜타-His 항체, BSA 무함유, 퀴아젠 게엠베하, 독일 힐덴 소재)로 검출하였다. 제2 단계로서, 2% FCS를 함유하는 PBS 50 ㎕에 1:100의 비로 희석된 R-파이코에리쓰린-접합된 친화성 정제된 $F(ab')_2$ 단편 염소 항-마우스 IgG(Fc-감마 단편 특이적)를 사용하였다. 샘플을 FACSscan(비디 바이오사이언시스, 독일 하이델베르그 소재) 상에서 측정하였다.

[1206] 그 다음, 유리한 성질 및 아미노산 서열에 대해 단일 클론을 분석하였다. Gly_4Ser_1-링커를 통해 FAFα 특이적 scFv를 CD3 특이적 scFv I2C(서열번호 185) 또는 본 발명의 임의의 다른 CD3 특이적 scFv와 연결하여 도메인 정렬 $VL_{FAP}α-(Gly_4Ser_1)_3-VH_{FAP}α-Ser_1Gly_4Ser_1-VH_{CD3}-(Gly_4Ser_1)_3-VL_{CD3}$ 또는 대안적 도메인 정렬을 갖는 구축물을 생성함으로써 PSCA 특이적 scFv를 재조합 이중특이적 단일쇄 항체로 전환시켰다. CHO 세포에서의 발현을 위해, (i) 코작 컨센서스 서열 내에 묻혀있는 개시 코돈을 포함하는 N-말단 면역글로불린 중소 리더, 및 (ii) C-말단 His6 태그에 이어서 정지 코돈으로 구성된 코딩 서열을 이중특이적 단일쇄 항체를 코딩하는 뉴클레오티드 서열에 인 프레임으로 연결시킨 후, 유전자 합성에 의해 수득된 DNA 단편을 발현 벡터 pEF-DHFR(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150) 내로 삽입시켰다. 생성된 발현 플라스미드의 형질감염, 단백질 발현 및 종간 특이적 이중특이적 항체 구축물의 정제는 실시예 31.3 및 31.4에 기재된 바와 같이 수행하였다. 당분야의 현 기술수준의 다른 방법들은 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다.

[1207] 기능성 이중특이적 단일쇄 항체 구축물의 동정은 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물을 발현하는 형질감염된 세포로부터 수득된 배양물 상청액의 유세포분류 결합 분석으로 수행하였다. 분석은 실시예 31.5에 기재된 바와 같이 수행하였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 FAPα에 대한 이중특이적 결합을 보이는 구축물만이 추가 사용을 위해 선택되었다.

[1208] 32. 추가 FAPα 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 특징규명

[1209] 32.1. FAPα 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[1210] 종간 특이적 결합 분자의 클로닝

[1211] 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 FAPα 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 15에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1212] [표 15]

항-CD3 및 항-FAP 알파 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
1861/1860	FA19D12HLxI2CHL
1847/1846	FA20H3HLxI2CHL
1791/1790	FA22A9HLxI2CHL
1805/1804	FA22C11HLxI2CHL
1875/1874	FA19D9HLxI2CHL
1819/1818	FA22D8HLxI2CHL
1833/1832	FA22E8HLxI2CHL

[1213]

[1214] 일반적으로, 상기 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다.

[1215] FAPα 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 CD3 간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. FAPα 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성에 대한 종간 특이성 및 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 70에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군에 비해 CD3 및 FAPα에의 결합성을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 FAPα 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[1216] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성은 전술한 바와 같이 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출에 의해 분석되었다. 도 71에 나타난 바와 같이, 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 인간 FAPα 양성 표적 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 FAPα 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다.

[1217] 32.2. FAPα에 결합하는 종간 특이적 단일쇄 항체 단편(scFv)의 생성 및 유세포분류 결합 분석

[1218] *FAPα에 대한 종간 특이성을 나타내는 scFv는 전술한 바와 같이 생성되었고 하기 표 16에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1219] [표 16]

종간 특이적 단일 쇄 항체 단편의 명칭

서열번호(핵산/단백질)	명칭
1901/1900	86C12HL
1887/1886	87G9HL
1971/1970	86F12HL
1957/1956	86F10HL
1985/1984	86F2HL
1943/1942	86E5HL
1929/1928	86D6HL
1915/1914	86D2HL

[1220]

[1221] 인간 FAPα로 형질감염된 CHO 세포 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO 세포를 사용한, FAPα에 대한 종간 특이성을 나타내는 scFv를 함유하는 원형질막공간 제제의 유세포분류 결합 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. FAPα에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 scFv의 결합은 도 72에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군에 비해 FAPα에의 결합성을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 FAPα 항원에 대한 scFv 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[1222] 상기 scFv를 기초로 한 종간 특이적 결합 분자의 클로닝, 및 이 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다. 종간 특이적 이중특이적 결합의 유세포분류 분석, 및 시험관내 세포독성

분석에서 ^{51}Cr 방출에 의한 생체활성의 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. 입증된 종간 특이적 이중특이적 결합 및 동원된 세포독성을 기초로 하여 추가 사용될 종간 특이적 결합 분자를 선택하였다.

[1223] 선택된 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자에 함유된 FAPα에 대한 종간 특이성을 나타내는 비-인간 scFv의 인간/인간화된 등가물은 본원에 기재된 바와 같이 생성하였다. 인간/인간화된 scFv를 기초로 한 종간 특이적 결합 분자의 클로닝, 및 이 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다. 종간 특이적 이중특이적 결합의 유세포분류 분석, 및 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출에 의한 생체활성의 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. 입증된 종간 특이적 이중특이적 결합 및 동원된 세포독성을 기초로 하여 추가 사용될 종간 특이적 결합 분자를 선택하였다.

[1224] 33. IGF-1R 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 특징규명

[1225] 33.1 인간 IGF-1R을 발현하는 CHO 세포의 생성

[1226] 진뱅크에 공개된 인간 IGF-1R의 코딩 서열(검색 번호 NM_000875)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 인간 IGF-1R 단백질 및 정지 코돈의 코딩 서열을 함유하도록 디자인되었다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 2011 및 2012에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 원치 않는 내부 제한 부위는 유전자 합성 단편에서 코딩 서열을 침묵 돌연변이시켜 제거하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[1227] 33.2. 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R을 발현하는 CHO 세포의 생성

[1228] 진뱅크에 공개된 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R의 코딩 서열(검색 번호 NM_001100407)은 표준 프로토콜에 따른 유전자 합성에 의해 수득되었다. 유전자 합성 단편은 구축물의 진핵 발현을 위한 코작 부위를 먼저 함유하고, 이어서 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R 단백질 및 정지 코돈의 코딩 서열을 함유하도록 디자인되었다(구축물의 cDNA 서열 및 아미노산 서열은 서열번호 2013 및 2014에 기재되어 있음). 또한, 유전자 합성 단편은 단편의 시작 부분 및 종결 부분에 제한 부위를 도입하도록 디자인되었다. 도입된 제한 부위, 즉 5' 말단에 도입된 EcoRI 및 3' 말단에 도입된 SalI을 하기 클로닝 절차에 사용하였다. 원치 않는 내부 제한 부위는 유전자 합성 단편에서 코딩 서열을 침묵 돌연변이시켜 제거하였다. 유전자 합성 단편을 표준 프로토콜에 따라 EcoRI 및 SalI을 통해 플라스미드 pEF-DHFR(pEF-DHFR은 문헌(Raum et al. Cancer Immunol Immunother 50 (2001) 141-150)에 기재되어 있음) 내로 클로닝하였다. 상기 절차는 표준 프로토콜(Sambrook, Molecular Cloning; A Laboratory Manual, 3rd edition, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (2001))에 따라 수행하였다. 서열 검증된 뉴클레오티드 서열을 가진 클론을 DHFR-결여 CHO 세포 내로 형질감염시켜 구축물을 진핵 발현시켰다. DHFR-결여 CHO 세포에서의 진핵 단백질 발현은 문헌(Kaufmann R.J. (1990) Methods Enzymol. 185, 537-56)에 기재된 바와 같이 수행하였다. 구축물의 유전자 증폭은 메토트렉세이트(MTX)의 농도를 최종 농도 20 nM MTX까지 증가시킴으로써 유도하였다.

[1229] 33.3. IGF-1R 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성

[1230] 일반적으로, 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3 엡실론에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인뿐만 아니라 인간 및 비-침팬지 영장류 IGF-1R에 대한 종간 특이적 결합 특이성을 나타내는 도메인을 포함하는 이중특이적 단일쇄 항체 분자는 하기 표 17에 기재된 바와 같이 디자인되었다:

[1231] [표 17]

항-CD3 및 항-IGF-1R 종간 특이적 이중특이적 단일 쇄 항체 분자의 포맷

서열번호(핵산/단백질)	단백질 구축물의 포맷 (N → C)
2028/2027	IGF1R2HLxI2CHL
2042/2041	IGF1R7HLxI2CHL
2056/2055	IGF1R9HLxI2CHL
2070/2069	IGF1R10HLxI2CHL
2084/2083	IGF1R11HLxI2CHL
2098/2097	IGF1R12HLxI2CHL
2112/2111	IGF1R13HLxI2CHL
2126/2125	IGF1R15HLxI2CHL
2140/2139	IGF1R16HLxI2CHL
2154/2153	IGF1R17HLxI2CHL
2168/2167	IGF1R19HLxI2CHL
2182/2181	IGF1R20HLxI2CHL
2196/2195	IGF1R21HLxI2CHL
2210/2209	IGF1R23HLxI2CHL
2224/2223	IGF1R24HLxI2CHL

[1232]

[1233] 일반적으로, 상기 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다.

[1234] IGF-1R 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성 및 CD3 간 특이적 이중특이적 항체의 유세포분류 결합 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. IGF-1R 및 CD3 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 분자의 생성에 대한 종간 특이성 및 인간 및 비-침팬지 영장류 CD3에 대한 종간 특이성을 나타내는 상기 단일쇄 분자의 이중특이적 결합은 도 73에 나타낸 바와 같이 명확히 검출될 수 있었다. FACS 분석에서, 모든 구축물이 음성 대조군에 비해 CD3 및 IGF-1R에의 결합성을 보였다. 인간 및 짧은꼬리 원숭이 CD3 및 IGF-1R 항원에 대한 이중특이적 항체의 종간 특이성이 입증되었다.

[1235] 생성된 이중특이적 단일쇄 항체의 생체활성은 전술한 바와 같이 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출에 의해 분석되었다. 도 74에 나타난 바와 같이, 종간 특이적 이중특이적 단일쇄 항체 구축물 모두가 자극된 인간 CD4/CD56-고갈된 PBMC에 의해 유발된 인간 IGF-1R 양성 표적 세포 및 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119LnPx에 의해 유발된 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R 양성 표적 세포에 대한 세포독성을 나타내었다.

[1236] 선택된 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자에 함유된 IGF-1R에 대한 종간 특이성을 나타내는 비-인간 scFv의 인간/인간화된 등가물은 본원에 기재된 바와 같이 생성하였다. 인간/인간화된 scFv를 기초로 한 종간 특이적 결합 분자의 클로닝, 및 이 종간 특이적 이중특이성 단일쇄 분자의 발현 및 정제는 전술한 바와 같이 수행하였다. 종간 특이적 이중특이적 결합의 유세포분류 분석, 및 시험관내 세포독성 분석에서 ^{51}Cr 방출에 의한 생체활성의 분석은 전술한 바와 같이 수행하였다. 입증된 종간 특이적 이중특이적 결합 및 동원된 세포독성을 기초로 하여 추가 사용될 종간 특이적 결합 분자를 선택하였다.

[1237]

서열번호	명칭	공급원	유형	서열
1.	인간 CD3 엡실론 세포외 도메인	인간	aa	QDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSD
2.	인간 CD3 엡실론 1-27	인간	aa	EDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCMEMD QDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILT
3.	칼리트릭스 자쿠스 CD3 엡실론 세포외 도메인	칼리트릭스 자쿠스	aa	QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLTCPRYDGHEIKWLVNSQNKEGHEDHLLLE DFSEMEQSGYYACLSKETPAEEASHYLYLKARVCENCVEVD
4.	칼리트릭스 자쿠스 CD3 엡실론 1-27	칼리트릭스 자쿠스	aa	QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLT
5.	사귀너스 오에디퍼스 CD3 엡실론 세포외 도메인	사귀너스 오에디퍼스	aa	QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLTCPRYDGHEIKWLVNSQNKEGHEDHLLLE DFSEMEQSGYYACLSKETPAEEASHYLYLKARVCENCVEVD
6.	사귀너스 오에디퍼스 CD3 엡실론 1-27	사귀너스 오에디퍼스	aa	QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLT
7.	사이미리 시우레우스 CD3 엡실론 세포외 도메인	사이미리 시우레우스	aa	QDGNEEIGDTTQNPYKVSISGTTVTLTCPRYDGQEIKWLVNDQNKEGHEDHLLLED FSEMEQSGYYACLSKETPTEEASHYLYLKARVCENCVEVD
8.	사이미리 시우레우스 CD3 엡실론 1-27	사이미리 시우레우스	aa	QDGNEEIGDTTQNPYKVSISGTTVTLT
9.	F6A 의 CDR-L1	인공	aa	GSSTGAVTSGYYPN
10.	F6A 의 CDR-L2	인공	aa	GTKFLAP
11.	F6A 의 CDR-L3	인공	aa	ALWYSNRWV
12.	F6A 의 CDR-H1	인공	aa	IYAMN
13.	F6A 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKS
14.	F6A 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYVSFFAY
15.	F6A 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNIYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSF

				FAYWGQGTLVTVSS
16.	F6A 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATATCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGCAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACGTATCCTTCTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
17.	F6A 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
18.	F6A 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
19.	F6A 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNIYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSF FAYWGQGTLVTVSS
20.	F6A 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATATCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAGCAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACGTATCCTTCTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
21.	F6A 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
22.	F6A 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT

[1238]

				CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
23.	F6A 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNIYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSF FAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSST GAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQP EDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
24.	F6A 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATATCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAGCAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACGTATCCTTCTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGA CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
25.	F6A 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNIYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN NYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSF FAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSST GAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQP EDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL

[1239]

26.	F6A 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATATCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATATGCCGATTCAGTGAAAAGCAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACGTATCCTTCTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGC TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
27.	H2C 의 CDR-L1	인공	aa	GSSTGAVTSGYYPN
28.	H2C 의 CDR-L2	인공	aa	GTKFLAP
29.	H2C 의 CDR-L3	인공	aa	ALWYSNRWV
30.	H2C 의 CDR-H1	인공	aa	KYAMN
31.	H2C 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKD
32.	H2C 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYISYWAY
33.	H2C 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY WAYWGQGTLVTVSS
34.	H2C 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA

[1240]

35.	H2C 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
36.	H2C 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
37.	H2C 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY WAYWGQGTLVTVSS
38.	H2C 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTACTGGGCCTTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
39.	H2C 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
40.	H2C 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
41.	H2C 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS

[1241]

				TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ
				PEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
42.	H2C 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA
				CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG
				CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT
				GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
43.	H2C 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSST
				GAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQP
				EDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
44.	H2C 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGC
				TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG

[1242]

				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
45.	H1E 의 CDR-L1	인공	aa	GSSTGAVTSGYYPN
46.	H1E 의 CDR-L2	인공	aa	GTKFLAP
47.	H1E 의 CDR-L3	인공	aa	ALWYSNRWV
48.	H1E 의 CDR-H1	인공	aa	SYAMN
49.	H1E 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKG
50.	H1E 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYLSFWAY
51.	H1E 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLEQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS FWAYWGQGTLVTVSS
52.	H1E 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGAGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATTCGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGAACTTCGGTAAT AGCTACCTATCCTTCTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTC
53.	H1E 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
54.	H1E 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
55.	H1E 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLEQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY

[1243]

				NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS FWAYWGQGTLVTVSS
56.	H1E 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGAGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATTCGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACCTATCCTTCTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
57.	H1E 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
58.	H1E 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
59.	H1E 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLEQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS FWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS STGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
60.	H1E 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGAGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATTCGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACCTATCCTTCTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGA

[1244]

					CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
					CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
					GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
					TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCCTGCTTGGAGGCAAGG
					CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGT
					GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
					CCTA
61.	H1E 의 VH-VL-P	인공		aa	EVQLLESGGGLEQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
					NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS
					FWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
					TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ
					PEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
62.	H1E 의 VH-VL-P	인공		nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGAGCAGCCTGGAGGGTCATT
					GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATTCGTACGCCATGAACT
					GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
					AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC
					CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
					AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
					AGCTACCTATCCTTCTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
					CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGC
					TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
					CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
					GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
					TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCCTGCTTGGAGGCAAGG
					CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGT
					GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
					CCTA
63.	G4H 의 CDR-L1	인공		aa	GSSTGAVTSGYYPN
64.	G4H 의 CDR-L2	인공		aa	GTKFLAP
65.	G4H 의 CDR-L3	인공		aa	ALWYSNRWV
66.	G4H 의 CDR-H1	인공		aa	RYAMN
67.	G4H 의 CDR-H2	인공		aa	RIRSKYNNYATYYADSVKG

[1245]

68.					
69.	G4H 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNRYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS YFAYWGQGTLVTVSS	
70.	G4H 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATCGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTACTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA	
71.	G4H 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL	
72.	G4H 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA	
73.	G4H 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNRYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS YFAYWGQGTLVTVSS	
74.	G4H 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATCGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTACTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA	

[1246]

75.	G4H 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
76.	G4H 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
77.	G4H 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNRYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS YFAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ PEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
78.	G4H 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATCGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTACTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
79.	G4H 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNRYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS YFAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS

[1247]

				TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ
				PEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
80.	G4H 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATCGCTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACTTATCCTACTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGC
				TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGAGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGCAAGG
				CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT
				GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
81.	A2J 의 CDR-L1	인공	aa	RSSTGAVTSGYYPN
82.	A2J 의 CDR-L2	인공	aa	ATDMRPS
83.	A2J 의 CDR-L3	인공	aa	ALWYSNRWV
84.	A2J 의 CDR-H1	인공	aa	VYAMN
85.	A2J 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKK
86.	A2J 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYLSWWAY
87.	A2J 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS
				WWAYWGQGTLVTVSS
88.	A2J 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTCTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAGAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT

[1248]

				AGCTACTTATCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCA
89.	A2J 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDM
				RPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
90.	A2J 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT
				CACACTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA
				ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACT
				GACATGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGG
				CAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATT
				ACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTG
				ACTGTCCTA
91.	A2J 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS
				WWAYWGQGTLVTVSS
92.	A2J 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTCTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAAGAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACTTATCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCA
93.	A2J 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDM
				RPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
94.	A2J 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT
				CACACTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA
				ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACT
				GACATGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGG
				CAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATT
				ACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTG
				ACTGTCCTA
95.	A2J 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY

[1249]

				NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS WWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRS STGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDMRPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSG VQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
96.	A2J 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAAGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTCGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACTGACA TGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTG TGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTG TCCTA
97.	A2J 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLS WWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRS STGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDMRPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSG VQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
98.	A2J 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAAGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGC

[1250]

				TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACTGACA
				TGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTG
				TGCTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTG
				TCCTA
99.	E1L 의 CDR-L1	인공	aa	GSSTGAVTSGYYPN
100.	E1L 의 CDR-L2	인공	aa	GTKFLAP
101.	E1L 의 CDR-L3	인공	aa	ALWYSNRWV
102.	E1L 의 CDR-H1	인공	aa	KYAMN
103.	E1L 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKS
104.	E1L 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYTSYYAY
105.	E1L 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYTS YYAYWGQGTLVTVSS
106.	E1L 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAATCGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACACATCCTACTACGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCC TCA
107.	E1L 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
108.	E1L 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA

[1251]

				CTGTCCTA
109.	E1L 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYTS YYAYWGQGTLVTVSS
110.	E1L 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAATCGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACACATCCTACTACGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCC TCA
111.	E1L 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
112.	E1L 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
113.	E1L 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYTS YYAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ PEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
114.	E1L 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAATCGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT

[1252]

				AGCTACACATCCTACTACGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCC TCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGAC TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACAC TCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTGG GTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTT CCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGC TGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG CTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTC CTA
115.	E1L 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYTS YYAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ PEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
116.	E1L 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAATCGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACACATCCTACTACGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCC TCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCT CGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACAC TCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTGG GTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTT CCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGC TGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG CTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTC CTA
117.	E2M 의 CDR-L1	인공	aa	RSSTGAVTSGYYPN
118.	E2M 의 CDR-L2	인공	aa	ATDMRPS
119.	E2M 의 CDR-L3	인공	aa	ALWYSNRWV

[1253]

120.	E2M 의 CDR-H1	인공	aa	GYAMN	
121.	E2M 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKE	
122.	E2M 의 CDR-H3	인공	aa	HRNFGNSYLSWFAY	
123.	E2M 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNGYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKERFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHRNFGNSYLS WFAYWGQGTLVTVSS	
124.	E2M 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGAGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATAGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTGGTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA	
125.	E2M 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDM RPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL	
126.	E2M 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACT GACATGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCCTCCCTGCTTGGAGG CAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATT ACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTG	
127.	E2M 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNGYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKERFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHRNFGNSYLS WFAYWGQGTLVTVSS	
128.	E2M 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGAGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATAGGAACTTCGGTAAT	

[1254]

				AGCTACTTATCCTGGTTCGCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
129.	E2M 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDM
130.	E2M 의 VL-P	인공	nt	RPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACT GACATGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGG CAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATT ACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTG ACTGTCCTA
131.	E2M 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNGYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKERFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHRNFGNSYLS WFAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSS TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDMRPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
132.	E2M 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGAGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATAGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTGGTTTGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACTGACA TGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTG TGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTG TCCTA
133.	E2M 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNGYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY

[1255]

				NNYATYYADSVKERFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHRNFGNSYLS WFAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSS TGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGATDMRPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
134.	E2M 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGAGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATAGGAACTTCGGTAAT AGCTACTTATCCTGGTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGC TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGCCACTGACA TGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTG TGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTG TCCTA
135.	F7O 의 CDR-L1	인공	aa	GSSTGAVTSGYYPN
136.	F7O 의 CDR-L2	인공	aa	GTKFLAP
137.	F7O 의 CDR-L3	인공	aa	ALWYSNRWV
138.	F7O 의 CDR-H1	인공	aa	VYAMN
139.	F7O 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKK
140.	F7O 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYISWWAY
141.	F7O 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS WWAYWGQGTLVTVSS
142.	F7O 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAAGAGGTTCAC

[1256]

				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTGGTGGGCTTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
143.	F70 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF
144.	F70 의 VL	인공	nt	LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA
145.	F70 의 VH-P	인공	aa	CTGTCCTA EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS WWAYWGQGTLVTVSS
146.	F70 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAAGAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTGGTGGGCTTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
147.	F70 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
148.	F70 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA

[1257]

				CTGTCCTA
149.	F7O 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				WWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS
				STGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV
				QPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
150.	F7O 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTGTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAAGAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACATATCCTGGTGGGCCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA
				CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG
				CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT
				GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
151.	F7O 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				WWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS
				STGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV
				QPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
152.	F7O 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTGTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAAAGAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT

[1258]

				AGCTACATATCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGC
				TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG
				CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT
				GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
153.	F12Q 의 CDR-L1	인공	aa	GSSTGAVTSGNYPN
154.	F12Q 의 CDR-L2	인공	aa	GTKFLAP
155.	F12Q 의 CDR-L3	인공	aa	VLWYSNRWV
156.	F12Q 의 CDR-H1	인공	aa	SYAMN
157.	F12Q 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKG
158.	F12Q 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYVSWWAY
159.	F12Q 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVS
				WWAYWGQGTLVTVSS
160.	F12Q 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCA
161.	F12Q 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF
				LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
162.	F12Q 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT
				CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAA
				ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT
				AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC

[1259]

				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA
				CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA
163.	F12Q 의 VH-P	인공		CTGTCCTA
			aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVS
				WWAYWGQGTLVTVSS
164.	F12Q 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCA
165.	F12Q 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF
				LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
166.	F12Q 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT
				CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAA
				ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT
				AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA
				CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA
				CTGTCCTA
167.	F12Q 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVS
				WWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS
				STGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV
				QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
168.	F12Q 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCAC

[1260]

				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGT GTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
169.	F12Q 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVS WWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS STGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
170.	F12Q 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGT GTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
171.	I2C 의 CDR-L1	인공	aa	GSSTGAVTSGNYPN

[1261]

172.	I2C 의 CDR-L2	인공	aa	GTKFLAP
173.	I2C 의 CDR-L3	인공	aa	VLWYSNRWV
174.	I2C 의 CDR-H1	인공	aa	KYAMN
175.	I2C 의 CDR-H2	인공	aa	RIRSKYNNYATYYADSVKD
176.	I2C 의 CDR-H3	인공	aa	HGNFGNSYISYWAY
177.	I2C 의 VH	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY WAYWGQGTLVTVSS
178.	I2C 의 VH	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
179.	I2C 의 VL	인공	aa	QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
180.	I2C 의 VL	인공	nt	CAGACTGTTGTTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
181.	I2C 의 VH-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY WAYWGQGTLVTVSS
182.	I2C 의 VH-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC

[1262]

				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTACTGGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCA
183.	I2C 의 VL-P	인공	aa	ELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
184.	I2C 의 VL-P	인공	nt	GAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGT CACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAA ACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACT AAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGA CTGTCCTA
185.	I2C 의 VH-VL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
186.	I2C 의 VH-VL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT GTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAACCAAACTGACTGT

[1263]

				CCTA
187.	I2C 의 VH-VL-P	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSST GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQP EDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
188.	I2C 의 VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGC TCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACA CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTG GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTGGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG CTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT GTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
189.	MCSP-G4 VH-VL x H2C VH-VL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ GTLVTVSSGGGSGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK LTVL
190.	MCSP-G4 VH-	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT

[1264]

			GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
			GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTTGGATCAACCCT
			AACAGTGGTGCCACACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
			CAGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
			AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
			TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTTGGCGG
			CGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGATATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
			CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
			GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
			CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
			GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
			TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
			AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
			TGGTGGATCCGAGGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
			GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
			GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
			CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
			ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
			AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
			CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
			TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
			GGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
			AACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
			ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
			GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
			GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
			ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
			AACTGACTGTCCTA
191.	MCSP-G4 VH-VL x F12Q VH-VL	인공	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
			GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ
			GTLVTVSSGGGSGGGSGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
			NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDV

[1265]

			AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
			FTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTA
			YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
			SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL
			IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
			LTVL
192.	MCSP-G4 VH-VL x F12Q VH-VL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGATATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				GCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGGCTGTTACATCTGGCAACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT

[1266]

				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
193.	MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
				GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ
				GTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
				NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV
				AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGS
				GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
194.	MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGATATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG

[1267]

				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTCAGACTGTTGTTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTTGGTG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
195.	MCSP-G4 VH-VL-P x F6A VH-VL-P	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
				GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ
				GTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
				NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV
				AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNIYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTAY
				LQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSFFAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSG
				GGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIG
				GTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKL
				TVL
196.	MCSP-G4 VH-VL-P x F6A VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA

[1268]

				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATATCTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAA
				GCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACGTATCCTTCTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
197.	MCSP-G4 VH-VL-P x H2C VH-VL-P	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
				GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ
				GTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
				NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV
				AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGS
				GGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
198.	MCSP-G4 VH-VL-P x H2C VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG

[1269]

			AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
			TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
			CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
			CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
			GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
			CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
			GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
			TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
			AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
			TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
			GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
			GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
			CATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
			ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
			AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
			CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
			TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
			GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
			AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
			ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
			GGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
			GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
			ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
			AACTGACTGTCCTA
199.	MCSP-G4 VH-VL-P x H1E VH-VL-P	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ GTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLEQPGGSLKLSCAASG FTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTA YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLSFWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGS GGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI

[1270]

				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK LTVL
200.	MCSP-G4 VH-VL-P x H1E VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG CGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTTGGAGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATTCGTAC GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG CATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG GGAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA CTTCGGTAATAGCTACCTATCCTTCTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT GGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
201.	MCSP-G4 VH-	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS

[1271]

	VL-P x G4H VH-VL-P			GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSSNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDVAVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNRYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLSYFAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
	MCSP-G4 VH-VL-P x G4H VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAATGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACTGGGTCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCTAACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCCTGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGGGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTATAGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATCGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATTATGCCGATTCAGTGAAAGGGAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACTTATCCTACTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
202.				

[1272]

				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT GGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
203.	MCSP-G4 VH-VL-P x A2J VH-VL-P	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ GTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASG FTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTA YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI GATDMRPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK LTVL
204.	MCSP-G4 VH-VL-P x A2J VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTCTAC

[1273]

				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAA
				AGAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACTTATCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTCGCTCCTGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GCCACTGACATGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
205.	MCSP-G4 VH-VL-P x E1L VH-VL-P	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
				GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ
				GTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
				NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV
				AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKSRFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYTSYYAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGS
				GGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
206.	MCSP-G4 VH-VL-P x E1L VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA

[1274]

				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAT
				CGAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACACATCCTACTACGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
207.	MCSP-G4 VH-VL-P x E2M VH-VL-P	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
				GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARSWVSWFASWGQ
				GTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
				NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV
				AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNGYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKERFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHRNFGNSYLSWFAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGS
				GGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCRSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GATDMRPSGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
208.	MCSP-G4 VH-VL-P x E2M VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT

[1275]

				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGAATTCACCTTCAATGGCTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				AGAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATAGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACTTATCCTGGTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTCGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GCCACTGACATGAGGCCCTCTGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
				QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
				GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ
				GTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
				NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV
				AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
209.	MCSP-G4 VH-VL-P x F7O VH-VL-P	인공	aa	VL-P

[1276]

			FTFNVYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKKRFTISRDDSKNTA
			YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISWWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGS
			GGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI
			GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
			LTVL
210.	MCSP-G4 VH-VL-P x F7O VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATGTGTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAAATTATATGCAACATATTATTATGCCGATTCAGTGAAAA
				AGAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACATATCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTGGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA

[1277]

				ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
211.	MCSP-G4 VH-VL-P x F12Q VH-VL	인공	aa	AACTGACTGTCCTA QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ GTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG FTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTA YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK LTVL
212.	MCSP-G4 VH-VL-P x F12Q VH-VL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC CAGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG CGGCGGCTCCGGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTAC GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG GCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA

[1278]

				CTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTCAGACTGTTGTTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
213.	MCSP-G4 VH-VL-P x I2C VH-VL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPNS
				GATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWGQ
				GTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNSS
				NNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAEDV
				AVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGS
				GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GGTNKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
214.	MCSP-G4 VH-VL-P x I2C VH-VL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT

[1279]

				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
215.	MCSP-D2 VH-VL x H2C VH-VL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGGTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSNLRSDDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNS
				SNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAED
				VAVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGG
				SGGGSSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
216.	MCSP-D2 VH-VL x H2C VH-VL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGCACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGGCACAAGCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				TAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAACCTGAGATCTG
				ACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC

[1280]

				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGATATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
217.	MCSP-D2 VH-VL x F12Q VH-VL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGGTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSNLRSDDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNS
				SNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAED
				VAVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
				GSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR
				GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG

[1281]

218.	MCSP-D2 VH-VL x F12Q VH-VL	인공	nt	TKLTVL CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGT GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGCACT GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCT AACAGTGGTGGCACAAGCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC TAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAACCTGAGATCTG ACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGG CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGATATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTAC GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG CATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG GCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA CTTGGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT GGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACT ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA ATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
219.	MCSP-D2 VH-VL x I2C VH-VL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN SGGTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSNLRSDDTAVYYCARSWVSWFASWG

[1282]

[1283]

				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNS
				SNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAED
				VAVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
220.	MCSP-D2 VH-VL x I2C VH-VL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGCACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGGCACAAGCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				TAGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAACCTGAGATCTG
				ACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGATATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACT

				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
221.	MCSP-D2 VH-VL-P x H2C VH-VL-P	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGGTSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSNLRSDDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNS
				SNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAED
				VAVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
222.	MCSP-D2 VH-VL-P x H2C VH-VL-P	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCGGCTACTATATGCACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGAATCAACCCT
				AACAGTGGTGGCACAAGCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				TAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAACCTGAGATCTG
				ACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTTTTAAACAGCTCCAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
				GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG

[1284]

				CATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAGACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
				CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
				TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
				AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
				GGGACTAAGTTCCTGGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
				ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
223.	MCSP-F9 VH-VL x H2C VH-VL	인공	aa	QVQLQESGPGLVKPSETLSLTCVVSGGSISSSNWWSWVRQPPGKGLEWLGTIYYNG
				NTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLRLSSVTAADTAVYYCAKSWVSWFASWGQGT
				LVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNNK
				NYLNWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVY
				YCQQHYSVPFTFGPGTKVDIKGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFN
				KYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQM
				NNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGS
				QTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKF
				LAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
224.	MCSP-F9 VH-VL x H2C VH-VL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAAGAGTCTGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCT
				GTCCCTCACCTGCGTTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTAACTGGTGGA
				GCTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGACTGGAGTGGCTTGGGACTATCTCTAT
				TATAATGGGAATACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATCTC
				CGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAGGCTGAGCTCTGTGACCGCCGC
				AGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCCT
				GGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGATATCGTGATGACACAGTCTCCAGACTC
				CCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
				GTGTCTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACTACTTAAATTGGTACCAGCAGAAA
				CCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG

[1285]

				GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
				TCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
				AGTGTTCCATTCACTTTCGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAAGGAGGTGG
				TGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAG
				GGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
				ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCAT
				AAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACA
				GGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAAC
				AACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTT
				CGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCA
				CCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGT
				TCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAAC
				AGTCACACTCACTTTGTGGCTCCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACC
				CAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGG
				ACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGA
				GGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAAC
				TGACTGTCCTA
225.	MCSP-F9 VH-VL-P x H2C VH-VL-P	인공	aa	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCVVSGGSISSSNWWSWVRQPPGKGLEWLGTIYYNG
				NTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLRLSSVTAADTAVYYCAKSWVSWFASWGQGT
				LVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN
				KNYLNWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAV
				YYCQQHYSVPFTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT
				FNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYL
				QMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGG
				GGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGG
				TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLT
				VL
226.	MCSP-F9 VH-VL-P x H2C VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCAAGAGTCTGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCT
				GTCCCTCACCTGCGTTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTAACTGGTGGA
				GCTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGCTTGGGACTATCTAT
				TATAATGGGAATACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATCTC

[1286]

			CGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAGGCTGAGCTCTGTGACCGCCGC
			AGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCCT
			GGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
			GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCAGACTC
			CCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA
			GTGTCTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACTACTTAAATTGGTACCAGCAGAAA
			CCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG
			GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA
			TCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT
			AGTGTTCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG
			TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
			GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTAC
			GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
			CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
			ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
			AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA
			CTTCGGTAATAGCTACATATGCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG
			TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
			GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGG
			AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT
			ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT
			GGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
			GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA
			ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
			AACTGACTGTCCTA
	인공	aa	EVQLQESGPGLVKPSETLSLTCVVSGGSISSSNWWSWVRQPPGKGLEWLGTIYYNG
227.	MCSP-F9 VH-VL-P x G4H VH-VL-P		NTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLRLSSVTAADTAVYYCAKSWVSWFASWGQGT
			LVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSSSNN
			KNYLNWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAV
			YYCQQHYSVPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFT
			FNRYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYL
			QMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYLSYFAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGG

[1287]

[1288]

				GGSELVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGG TKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLT VL
228.	MCSP-F9 VH-VL-P x G4H VH-VL-P	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCAAGAGTCTGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCT GTCCCTCACCTGCGTTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGTAACTGGTGGA GCTGGGTCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGACTGGAGTGGCTTGGGACTATCTAT TATAATGGGAATACCTACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATCTC CGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCTGAGGCTGAGCTCTGTGACCGCCGC AGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCCT GGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGC GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCAGACTC CCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGA GTGTCTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACTACTTAAATTGGTACCAGCAGAAA CCAGGACAGCCTCCTAAGTTTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCGG GGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACCA TCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTAT AGTGTTTCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAGG TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATCGCTAC GCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG GGAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA CTTGGTAATAGCTACTTATCCTACTTCGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGG TCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT GGTTCTGAGCTCGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG AACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACT ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGT GGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGA ATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA

229.	1-27 CD3 웹실론-Fc	인공	aa	QDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTSGEPKSCDKTHTCPPCPAPELLGGPSVFLF PPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNS TYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPS REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKL TVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGKHHHHHH
230.	1-27 CD3 웹실론-Fc	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA CTCCCAAGATGGTAATGAAGAAATGGGTGGTATTACACAGACACCATATAAAG TCTCCATCTCTGGAACCACAGTAATATTGACATCCGGAGAGCCCAAATCTTGT GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACCG TCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACC CCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAA GTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGC GGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTG CACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGC CCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGA ACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGT CAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGT GGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTG GACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAG GTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACA ACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAAACATCATCACCATC ATCAT
231.	인간 1-27 CD3 웹실론 -EpCAM	인공	aa	QDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTDYKDDDDKTASFAAAQKECVCENYKLAVN CFLNDNGQCQCTSIGAQNTVLCSKLAAKCLVMKAEMNGSKLGRRAKPEGALQNND GLYDPDCDESGLFKAKQCNGTSTCWCVNTAGVRRTDKDTEITCSERVRTYWIIIEL KHKAREKPYDVQSLRTALEEAIKTRYQLDPKFITNILYEDNVTTDLVQNSSQKTQND VDIADVAYYFEKDVKGESLFHSKKMDLRVNGEQLDLDPGQTLIYYVDEKAPEFSMQ GLKAGVIAVIVVVIAIVAGIVVLVISRKKRMAKYEKAEIKEMGEMHRELNA
232.	인간 1-27 CD3 웹실론 -EpCAM	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA CTCCCAAGATGGTAATGAAGAAATGGGTGGTATTACACAGACACCATATAAAG TCTCCATCTCTGGAACCACAGTAATATTGACAGATTACAAGGACGACGATGAC AAGACTGCGAGTTTTGCCGCAGCTCAGAAAGAATGTGTCTGTGAAAACTACAA

[1289]

				GCTGGCCGTAAACTGCTTTTTTGAATGACAATGGTCAATGCCAGTGTACTTCGA
				TTGGTGCACAAAATACTGTCCTTTGCTCAAAGCTGGCTGCCAAATGTTTGGTG
				ATGAAGGCAGAAATGAACGGCTCAAAACTTGGGAGAAGAGCGAAAACCTGAAGG
				GGCTCTCCAGAACAATGATGGCCTTTACGATCCTGACTGCGATGAGAGCGGGC
				TCTTTAAGGCCAAGCAGTGCAACGGCACCTCCACGTGCTGGTGTGTGAACACT
				GCTGGGGTCAGAAGAACTGACAAGGACACTGAAATAACCTGCTCTGAGCGAGT
				GAGAACCTACTGGATCATCATTGAATTAAAACACAAAGCAAGAGAAAAAACCTT
				ATGATGTTCAAAGTTTGCGGACTGCACTTGAGGAGGCGATCAAAACGCGTTAT
				CAACTGGATCCAAAATTTATCACAAATATTTTGTATGAGGATAAATGTTATCAC
				TATTGATCTGGTTCAAAATTCTTCTCAGAAAACTCAGAATGATGTGGACATAG
				CTGATGTGGCTTATTATTTTGAAAAAGATGTTAAAGGTGAATCCTTGTTTCAT
				TCTAAGAAAATGGACCTGAGAGTAAATGGGGAACAACTGGATCTGGATCCTGG
				TCAAACTTTAATTTATTATGTCGATGAAAAAGCACCTGAATTCTCAATGCAGG
				GTCTAAAAGCTGGTGTTATTGCTGTTATTGTGGTTGTGGTGATAGCAATTGTT
				GCTGGAATTGTTGTGCTGGTTATTTCCAGAAAGAAGAGAATGGCAAAGTATGA
				GAAGGCTGAGATAAAGGAGATGGGTGAGATGCATAGGGAACTCAATGCA
233.	마모셋 1-27 CD3 엡실론 - EpCAM	인공	aa	QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLTIDYKDDDDKTASFAAAQKECVCENYKLAV
				NCFLNDNGQCQCTSIGAQNTVLCSKLAAKCLVMKAEMNGSKLGRRAKPEGALQNN
				DGLYDPDCDESGLFKAKQCNGTSTCWCVNTAGVRRTDKDTEITCSERVRTYWIIIEL
				KHKAREKPYDVQSLRTALEEAIKTRYQLDPKFITNILYEDNVITIDLVQNSSQKTQND
				VDIADVAYYFEKDVKGESLFHSKKMDLRVNGEQLDLDPGQTLIYYVDEKAPEFSMQ
				GLKAGVIAVIVVVIAIVAGIVVLVISRKKRMAKYEKAEIKEMGEMHRELNA
234.	마모셋 1-27 CD3 엡실론 - EpCAM	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA
				CTCCCAGGACGGTAATGAAGAAATGGGTGATACTACACAGAACCCATATAAAG
				TTTCCATCTCAGGAACCACAGTAACACTGACAGATTACAAGGACGACGATGAC
				AAGACTGCGAGTTTTGCCGCAGCTCAGAAAGAATGTGTCTGTGAAAACTACAA
				GCTGGCCGTAAACTGCTTTTTTGAATGACAATGGTCAATGCCAGTGTACTTCGA
				TTGGTGCACAAAATACTGTCCTTTGCTCAAAGCTGGCTGCCAAATGTTTGGTG
				ATGAAGGCAGAAATGAACGGCTCAAAACTTGGGAGAAGAGCGAAAACCTGAAGG
				GGCTCTCCAGAACAATGATGGCCTTTACGATCCTGACTGCGATGAGAGCGGGC
				TCTTTAAGGCCAAGCAGTGCAACGGCACCTCCACGTGCTGGTGTGTGAACACT
				GCTGGGGTCAGAAGAACTGACAAGGACACTGAAATAACCTGCTCTGAGCGAGT

[1290]

				GAGAACCTACTGGATCATCATTGAATTAAAACACAAAGCAAGAGAAAAACCTT
				ATGATGTTCAAAGTTTGCGGACTGCACTTGAGGAGGCGATCAAAACGCGTTAT
				CAACTGGATCCAAAATTTATCACAAATATTTTTGTATGAGGATAATGTTTATCAC
				TATTGATCTGGTTCAAAATTCTTCTCAGAAAACTCAGAATGATGTGGACATAG
				CTGATGTGGCTTATTATTTTGAAAAAGATGTTTAAAGGTGAATCCTTGTTTCAT
				TCTAAGAAAATGGACCTGAGAGTAAATGGGGAACACAACTGGATCTGGATCCTGG
				TCAAACTTTAATTTATTATGTCGATGAAAAAGCACCTGAATTCTCAATGCAGG
				GTCTAAAAGCTGGTGTTATTGCTGTTATTGTGGTTGTGGTGATAGCAATTGTT
				GCTGGAATTGTTGTGCTGGTTATTTCCAGAAAGAAGAGAATGGCAAAGTATGA
				GAAGGCTGAGATAAAGGAGATGGGTGAGATGCATAGGAACTCAATGCA
235.	타마린 1-27 CD3 엡실론 - EpCAM	인공	aa	QDGNEEMGDTTQNPYKVSISGTTVTLTDYKDDDDKTASFAAAQKIECVCENYKLAV
				NCFLNDNGQCQCTSIGAQNTVLCSKLAAKCLVMKAEMNGSKLGRRAKPEGALQNN
				DGLYDPDCDESGLFKAKQCNGTSTCWCVNTAGVRRTDKDTEITCSERVRTYWIIIEL
				KHKAREKPYDVQSLRTALEEAIKTRYQLDPKFITNILYEDNVITIDLVQNSSQKTQND
				VDIADVAYYFEKDVKGESLFHSKKMDLRVNGEQLDLDPGQTLIYYVDEKAPEFSMQ
				GLKAGVIAVIVVVVIAIVAGIVVLVISRKKRMAKYEKAEIKEMGEMHRELNA
236.	타마린 1-27 CD3 엡실론 - EpCAM	인공	nt	ATGGGATGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA
				CTCCCAGGACGGTAATGAAGAAATGGGTGATACTACACAGAACCCATATAAAG
				TTTCCATCTCAGGAACCACACAGTAACACTGACAGATTACAAGGACGACGATGAC
				AAGACTGCGAGTTTTGCCGCAGCTCAGAAAGAATGTGTCTGTGAAAACTACAA
				GCTGGCCGTAAACTGCTTTTTGAATGACAATGGTCAATGCCAGTGTACTTCGA
				TTGGTGCACAAAATACTGTCCTTTGCTCAAAGCTGGCTGCCAAATGTTTGGTG
				ATGAAGGCAGAAATGAACGGCTCAAAACTTGGGAGAAGAGCGAAACCTGAAGG
				GGCTCTCCAGAACAATGATGGCCTTTACGATCCTGACTGCGATGAGAGCGGGC
				TCTTTAAGGCCAAGCAGTGCAACGGCACCTCCACGTGCTGGTGTGTGAACACT
				GCTGGGGTCAGAAGAACTGACAAGGACACTGAAATACCTGCTCTGAGCGAGT
				GAGAACCTACTGGATCATCATTGAATTAAAACACAAAGCAAGAGAAAAACCTT
				ATGATGTTCAAAGTTTGCGGACTGCACTTGAGGAGGCGATCAAAACGCGTTAT
				CAACTGGATCCAAAATTTATCACAAATATTTTTGTATGAGGATAATGTTTATCAC
				TATTGATCTGGTTCAAAATTCTTCTCAGAAAACTCAGAATGATGTGGACATAG
				CTGATGTGGCTTATTATTTTGAAAAAGATGTTTAAAGGTGAATCCTTGTTTCAT
				TCTAAGAAAATGGACCTGAGAGTAAATGGGGAACACAACTGGATCTGGATCCTGG

[1291]

				TCAAACTTTAATTTATTATGTCGATGAAAAAGCACCTGAATTCTCAATGCAGG
				GTCTAAAAAGCTGGTGTTATTGCTGTTATTGTGGTTGTGGTGATAGCAATTGTT
				GCTGGAATTGTTGTGCTGGTTATTTCCAGAAAGAAGAAATGGCAAAGTATGA
				GAAGGCTGAGATAAAGGAGATGGGTGAGATGCATAGGGAACTCAATGCA
237.	다람쥐 원숭이 1-27 CD3 웹실론 -EpCAM	인공	aa	QDGNEEIGDTTQNPYKVSISGTTVTLTDYKDDDDKTASFAAAQKECVCENYKLAV
				NCFLNDNGQCQCTSIGAQNTVLCSKLAAKCLVMKAEMNGSKLGRRAKPEGALQNN
				DGLYDPDCDESGLFKAKQCNGTSTCWCVNTAGVRRTDKDTEITCSERVRTYWIIIEL
				KHKAREKPYDVQSLRTALEEAIKTRYQLDPKFITNILYEDNVITIDLVQNSSQKTQND
				VDIADVAYYFEKDVKGESLFHSKKMDLRVNGEQLDLDPGQTLIYYVDEKAPEFSMQ
				GLKAGVIAVIVVVVIAIVAGIVVLVISRKKRMAKYEKAEIKEMGEMHRELNA
238.	다람쥐 원숭이 1-27 CD3 웹실론 -EpCAM	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA
				CTCCCAGGACGGTAATGAAGAGATTGGTGATACTACCCAGAACCCATATAAAG
				TTTCCATCTCAGGAACCACAGTAACACTGACAGATTACAAGGACGACGATGAC
				AAGACTGCGAGTTTTGCCGCAGCTCAGAAAGAATGTGTCTGTGAAAACTACAA
				GCTGGCCGTAAACTGCTTTTTGAATGACAATGGTCAATGCCAGTGTACTTCGA
				TTGGTGCACAAAATACTGTCCTTTGCTCAAAGCTGGCTGCCAAATGTTTTGGTG
				ATGAAGGCAGAAATGAACGGCTCAAAACTTGGGAGAAGACGCAAACCTGAAGG
				GGCTCTCCAGAACAATGATGGCCTTTACGATCCTGACTGCGATGAGAGCGGGC
				TCTTTAAGGCCAAGCAGTGCAACGGCACCTCCACGTGCTGGTGTGTGAACACT
				GCTGGGGTCAGAAGAACTGACAAGGACACTGAAATAACCTGCTCTGAGCGAGT
				GAGAACCTACTGGATCATCATTGAATTAAAACACAAAGCAAGAGAAAAACCTT
				ATGATGTTCAAAGTTTGCGGACTGCACTTGAGGAGGCGATCAAAACGCGTTAT
				CAACTGGATCCAAAATTTATCACAAAATATTTTGTATGAGGATAAATGTTATCAC
				TATTGATCTGGTTCAAAATTCTTCTCAGAAAACTCAGAATGATGTGGACATAG
				CTGATGTGGCTTATTATTTTGAAAAAGATGTTAAAGGTGAATCCTTGTTTCAT
				TCTAAGAAAATGGACCTGAGAGTAAATGGGGAACAACTGGATCTGGATCCTGG
				TCAAACTTTAATTTATTATGTCGATGAAAAAGCACCTGAATTCTCAATGCAGG
				GTCTAAAAGCTGGTGTTATTGCTGTTATTGTGGTTGTGGTGATAGCAATTGTT
				GCTGGAATTGTTGTGCTGGTTATTTCCAGAAAGAAGAAATGGCAAAGTATGA
239.	돼지 1-27 CD3 웹실론 -EpCAM	인공	aa	QEDIERPDEDTQKTFKVSISGDKVELTDYKDDDDKTASFAAAQKECVCENYKLAVN
				CFLNDNGQCQCTSIGAQNTVLCSKLAAKCLVMKAEMNGSKLGRRAKPEGALQNND

[1292]

				GLYDPDCDESGLFKAKQCNGTSTCWCVNTAGVRRTDKDTEITCSERVRTYWIIIEL
				KHKARFKPYDVQSLRTALEEAIKTRYQLDPKFITNILYEDNVITIDLVQNSSQKTQND
				VDIADVAYYFEKDVKGESLFHSKKMDLRVNGEQLDLDPGQTLIYYVDEKAPEFSMQ
				GLKAGVIAVIVVVVIAIVAGIVVLVISRKKRMAKYEKAEIKEMGEMHRELNA
240.	돼지 1-27 CD3 엡실론 -EpCAM	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA
				CTCCCAAGAAGACATTGAAAGACCAGATGAAGATACACAGAAAACATTTAAAG
				TCTCCATCTCTGGAGACAAAGTAGAGCTGACAGATTACAAGGACGACGATGAC
				AAGACTGCGAGTTTTGCCGCAGCTCAGAAAGAATGTGTCTGTGAAAACTACAA
				GCTGGCCGTAAACTGCTTTTTGAATGACAATGGTCAATGCCAGTGTACTTCGA
				TTGGTGCACAAAATACTGTCCTTTGCTCAAAGCTGGCTGCCAAATGTTTGGTG
				ATGAAGGCAGAAATGAACGGCTCAAAACTTGGGAGAAGAGCGAAACCTGAAGG
				GGCTCTCCAGAACAATGATGGCCTTTACGATCCTGACTGCGATGAGAGCGGGC
				TCTTTAAGGCCAAGCAGTGCAACGGCACCCTCCACGTGCTGGTGTGTGAACACT
				GCTGGGGTCAGAAGAACTGACAAGGACACTGAAATAACCTGCTCTGAGCGAGT
				GAGAACCTACTGGATCATCATTGAATTAAAACACAAAGCAAGAGAAAAACCTT
				ATGATGTTCAAAGTTTGCGGACTGCACTTGAGGAGGCGATCAAAACGCGTTAT
				CAACTGGATCCAAAATTTATCACAAATATTTTGTATGAGGATAATGTTATCAC
				TATTGATCTGGTTCAAAATTCTTCTCAGAAAACTCAGAATGATGTGGACATAG
				CTGATGTGGCTTATTATTTTGAAAAAGATGTTAAAGGTGAATCCTTGTTTCAT
				TCTAAGAAAATGGACCTGAGAGTAAATGGGGAACAACTGGAATCTGGATCCTGG
				TCAAACTTTAATTTATTATGTCGATGAAAAAGCACCTGAATTCTCAATGCAGG
				GTCTAAAAGCTGGTGTTATTGCTGTTATTGTGGTGATAGCAAATTGTT
				GCTGGAATTGTTGTGCTGGTTATTTCCAGAAAGAAGAATGGCAAAGTATGA
				GAAGGCTGAGATAAAGGAGATGGGTGAGATGCATAGGAACTCAATGCA
241.	인간 CD3 엡실론 쇄	인간	aa	QDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDEDDKNIGSD
				EDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCMEMDVMSVATIV
				IVDICITGGLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQNKERPPPVPNPDYEPI
				RKGQRDLYSGLNQRRI
242.	인간 CD3 엡실론 쇄	인간	nt	ATGCAGTCGGGCACTCACTGGAGAGTTCTGGGCCTCTGCCTCTTATCAGTTGG
				CGTTTGGGGGCAAGATGGTAATGAAGAAATGGGGTGGTATTACACAGACACCAT
				ATAAAGTCTCCATCTCTGGAACCACAGTAATATTGACATGCCCTCAGTATCCT
				GGATCTGAAATACTATGGCAACACAATGATAAAAACATAGGCGGTGATGAGGA

[1293]

					TGATAAAAACATAGGCAGTGATGAGGATCACCTGTCACTGAAGGAATTTTCAG AATTGGAGCAAAGTGGTTATTATGTCTGCTACCCCAGAGGAAGCAAACCAGAA GATGCGAACTTTTATCTCTACCTGAGGGCACGCGTGTGTGAGAACTGCATGGA GATGGATGTGATGTCGGTGGCCACAATTGTCATAGTGGACATCTGCATCACTG GGGGCTTGCTGCTGGTTTACTACTGGAGCAAGAATAGAAAGGCCAAGGCC AAGCCTGTGACACGAGGAGCGGGTGCTGGCGGCAGGCAAAGGGACAAAACAA GGAGAGGCCACCACCTGTTCCCAACCCAGACTATGAGCCCATCCGGAAAGGCCA GCGGGACCTGTATTCTGGCCTGAATCAGAGACGCATC
243.	19 아미노산 면역글로불린 리더 펩티드	인공	aa	MGWSCIILFLVATATGVHS	
244.	19 아미노산 면역글로불린 리더 펩티드	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA CTCC	
245.	뮤린 IgG1 중쇄 불변 영역	뮤린	aa	AKTTPPSVYPLAPGSAAQTNSMVTLGCLVKGYFPEPVTVTWNSGSLSSGVHTFPA VLQSDLYTLSSSVTVPSSTWPSETVTCNVAHPASSTKVDKKIVPRDCGCKPCICTV PEVSSVFIFPPKPKDVLTITLTPKVTCVVVDISKDDPEVQFSWFVDDVEVHTAQTQ PREEQFNSTFRSVSELPIMHQDWLNGKEFKCRVNSAAFPAPIEKTISKTKGRPKAPQ VYTIPPPKEQMAKDKVSLTCMITDFFPEDITVEWQWNGQPAENYKNTQPIMDTDGS YFVYSKLNVQKSNWEAGNTFTCSVLHEGLHNHHTEKSLSHSPGK	
246.	뮤린 IgG1 중쇄 불변 영역	뮤린	nt	GCCAAAACGACACCCCCATCTGTCTATCCACTGGCCCCTGGATCTGCTGCCCAA ACTAACTCCATGGTGACCCTGGGATGCCTGGTCAAGGGCTATTTCCCTGAGCC AGTGACAGTGACCTGGAACTCTGGATCCCTGTCCAGCGGTGTGCACACCTTCC CAGCTGTCCTGCAGTCTGACCTCTACACTCTGAGCAGCTCAGTGACTGTCCCCT CCAGCACCTGGCCCAGCGAGACCGTCACCTGCAACGTTGCCCACCCGGCCAGCA GCACCAAGGTGGACAAGAAAATTGTGCCCAGGGATTGTGGTTGTAAGCCTTGC ATATGTACAGTCCCAGAAGTATCATCTGTCTTCATCTTCCCCCCAAAGCCCAA GGATGTGCTCACCATTACTCTGACTCCTAAGGTCACGTGTGTTGTGGTAGACA TCAGCAAGGATGATCCCGAGGTCCAGTTCAGCTGGTTTGTAGATGATGTGGAG GTGCACACAGCTCAGACGCAACCCCGGGAGGAGCAGTTCAACAGCACTTTCCGC TCAGTCAGTGAACTTCCCATCATGCACCAGGACTGGCTCAATGGCAAGGAGTT CAAATGCAGGGTCAACAGTGCAGCTTTCCCTGCCCCCATCGAGAAAACCATCTC

[1294]

				CAAAACCAAAGGCAGACCGAAGGCTCCACAGGTGTACACCATTCCACCTCCCAA GGAGCAGATGGCCAAGGATAAAGTCAGTCTGACCTGCATGATAACAGACTTCT TCCCTGAAGACATTACTGTGGAGTGGCAGTGGAATGGGCAGCCAGCGGAGAAC TACAAGAACACTCAGCCCATCATGGACACAGATGGCTCTTACTTCGTCTACAG CAAGCTCAATGTGCAGAAGAGCAACTGGGAGGCAGGAAATACTTTCACCTGCT CTGTGTTACATGAGGGCCTGCACAACCACCATACTGAGAAGAGCCTCTCCCAC TCTCCTGGTAAA
247.	인간 탑다 경쇄 불변 영역	인간	aa	GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETT TPSKQSNNKYAASSYLSLTPEQWKSHKSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS
248.	인간 탑다 경쇄 불변 영역	인간	nt	GGTCAGCCCAAGGCTGCCCCCTCGGTCACTCTGTTCCCACCCTCCTCTGAGGAG CTTCAAGCCAACAAGGCCACACTGGTGTGTCTCATAAGTGACTTCTACCCGGG AGCCGTGACAGTGGCCTGGAAGGCAGATAGCAGCCCCGTCAAGGCGGGAGTGG AGACCACACACCCTCCAAACAAAGCAACAACAAGTACGCGGCCAGCAGCTACC TGAGCCTGACGCCTGAGCAGTGGAAGTCCCACAAAAGCTACAGCTGCCAGGTC ACGCATGAAGGGAGCACCGTGGAGAAGACAGTGGCCCCTACAGAAATGTTCA
249.	인간 MCSP 의 말단 도메인 구축물	인간	aa	DYKDDDDKSRTRSGSQLDGGLVLFSHRGTLDGGFRFRLSDGEHTSPGIFFRVTAQK QVLLSLKGSQTLTVCPGSVQPLSSQTLRASSSAGTDPQLLLYRVVRGPQLGRLFHA QQDSTGEALVNFTQAEVYAGNILYEHEMPPEPFWEAHDTLELQLSSPPARDVAATL AVAVSFEAACPQRPSHLWKNKGLWVPEGQRARITVAALDASNLLASVPSPQRSEHD VLFQVTQFPSRGQLLVSEEPLHAGQPHFLQSQLAAGQLVYAHGGGTQQDGFHFR AHLQGPAGASVAGPQTSEAFAITVRDVNERPPQPQASVPLRLTRGSRAPISRAQLSV VDPDSAPGEIEYEVQRAPHNGFLSLVGGGLGPVTRFTQADVDSGRLAFVANGSSVA GIFQLSMSDGASPPLPMSLAVDILPSAIEVQLRAPLEVPQALGRSSLSQQQLRVVSDR EEPEAAYRLIQGPQYGHLLVGGRPTSAFSQFQIDQGEVVFAFTNSSSSHDHFRVLAL ARGVNASAVVNVTVRALLHVWAGGFWPQGATLRLDPTVLDAGELANRTDSVPRF RLLEGPRHGRVVRVPRARTEPGGSQLVEQFTQQDLEDGRLGLEVGRPEGRAPGPAG DSLTLELWAQGVPPAVASLDFATEPYNAARPYSVALLSVPEAARTEAGKPESSTPT GEPGPMASSPEPAVAKGGFLSFLEANMFSVIIPMCLVLLLLALILPLLFYLRKRNKTG KHDVQVLTAKPRNGLAGDTETFRKVEPGQAIPLTAVPGQGPPPGGQPDPELLQFCR TPNPALKNGQYWV
250.	인간 MCSP 의 말단 도메인 구축물	인간	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA CTCCGACTACAAAGACGATGACGACAAGTCCGTACGAGATCTGGATCCCAAT

[1295]

			TGGACGGCGGGCTCGTGCTGTTCTCACACAGAGGAACCCTGGATGGAGGCTTC
			CGCTTCCGCCTCTCTTGACGGCGGAGCACACTTCCCCCGGACACTTCTTTCCGAGTG
			ACGGCCCAGAAGCAAGTGCTCCTCTCGCTGAAGGGCAGCCAGACACTGACTGTC
			TGCCCAGGGTCCGTCCAGCCACTCAGACCCTCAGGGCCAGCTCCAGC
			GCAGGCACTGACCCCCAGCTCCTGCTCTACCGTGTGGTGCGGGGCCCCCAGCTA
			GGCCGGCTGTTCCACGCCCCAGCAGCACAGGGGAGGCCCTGGTGAACTTC
			ACTCAGGCAGAGGTCTACGCTGGGAATATTCTGTATCAGCATGAGATGCCCCC
			CGAGCCCTTTTGGGAGGCCCATGATACCCTAGAGCTCCAGCTGTCCTCGCCGCC
			TGCCCGGGACGTGGCCGCCACCCTTGCTGTGGCTGTGTCTTTTGAGGCTGCCT
			GTCCCCAGCGCCCCAGCCACCTCTGAAGAACAAAGGTCTCTGGGTCCCCGAGG
			GCCAGCGGGCCAGGATCACCGTGGCTGCTCTGGATGCCTCCAATCTCTTGGCCA
			GCGTTCCATCACCCCAGCGCTCAGAGCATGATGTGCTCTTCCAGGTCACACAGT
			TCCCCAGCCGCGGCCAGCTGTTGGTGTCCGAGGAGCCCCCTCCATGCTGGGCAGC
			CCCACTTCCTGCAGTCCCAGCTGGCTGCAGGGCAGCTAGTGTATGCCCACGGCG
			GTGGGGGCACCCAGCAGGATGGCTTCCACTTTCGTGCCCACCTCCAGGGGCCAG
			CAGGGGCCTCCGTGGCTGGACCCCAAACCTCAGAGGCCTTTGCCATCACGGTGA
			GGGATGTAAATGAGCGGCCCCCTCAGCCACAGGCCTCTGTCCCACTCCGGCTCA
			CCCGAGGCTCTCGTGCCCCCATCTCCCGGGCCCAGCTGAGTGTGGTGGACCCAG
			ACTCAGCTCCTGGGGAGATTGAGTACGAGGTCCAGCGGGCACCCCACAACGGC
			TTCCTCAGCCTGGTGGGTGGTGGCCTGGGGCCCGTGACCCGCTTCACGCAAGC
			CGATGTGGATTCAGGGCGGCTGGCCTTCGTGGCCAACGGGAGCAGCGGTGGCAG
			GCATCTTCCAGCTGAGCATGTCTGATGGGGCCAGCCCACACCCCTGCCCATGTCCC
			TGGCTGTGGACATCCTACCATCCGCCATCGAGGTGCAGCTGGCGGGCACCCCTGG
			AGGTGCCCCAAGCTTTGGGGCGCTCCTCACTGAGCCAGCAGCAGCTCCGGGTG
			GTTTCAGATCGGGAGGAGCCAGAGGCAGCATACCGGTTGATCCAGGGACCCCA
			GTATGGGCATCTCCTGGTGGCGGGCGGCCCACCTCGGCCTTCAGCCAATTCCA
			GATAGACCAGGGCGAGGTGGTCTTTGCCTTCACCAACTCCTCCTCCTCTCATG
			ACCACTTCAGAGTCCTGGCACTGGCTAGGGGTGTCAATGCATCAGCCGTAGTG
			AACGTCACTGTGAGGGCTCTGCTGCATGTGTGGGCAGGTGGGCCATGGCCCCA
			GGGTGCCACCCTGCGCCTGGACCCCACCGTCCTAGATGCTGGCGAGCTGGCCAA
			CCGCACAGACAGTGTGCCGCGCTTCCGCCTCCTGGAGGGACCCCGGCATGGCCG
			CGTGGTCCGCGTGCCCCGAGCCAGGACGGAGCCCCGGGGGGCAGCCAGCTGGTGGA

[1296]

				GCAGTTCACTCAGCAGGACCTTGAGGACGGAGGCTGGGGCTGGAGGTGGGCA
				GGCCAGAGGGAGGGCCCCCGGCCCCGCAGGTGACAGTCTCACTCTGGAGCTGT
				GGGCACAGGGCGTCCCGGCCTGCTGTGGCCTCCCTGACTTTGCCACTGAGCCTT
				ACAATGCTGCCCGGCCCTACAGCGTGGCCCTGCTCAGTGTCCCCGAGGCCGCCC
				GGACGGAAGCAGGGAAGCCAGAGAGCAGCACCCCCACAGGCGAGCCAGGCCCCA
				TGGCATCCAGCCCTGAGCCCCGCTGTGGCCAAGGGAGGCTTCCTGAGCTTTCTA
				GAGGCCAACATGTTCAGCGTCATCATCCCCATGTGCCTGGTACTTCTGCTCCT
				GGCGCTCATCCTGCCCCTGCTCTTCTACCTCCGAAAACGCAACAAGACGGGCAA
				GCATGACGTCCAGGTCCTGACTGCCAAGCCCCGCAACGGCCTGGCTGGTGACAC
				CGAGACCTTTCGCAAGGTGGAGCCAGGCCAGGCCATCCCGCTCACAGCTGTGCC
				TGGCCAGGGGCCCCCTCCAGGAGGCCAGCCTGACCCAGAGCTGCTGCAGTTCTG
				CCGGACACCCAACCCTGCCCTTAAGAATGGCCAGTACTGGGTG
251.	시아노물구스 MCSP 의 부분 서열	짧은꼬리원숭이 (시아노몰구스)	aa	PSNGRVVLRAAPGTEVRSFTQAQLDGGLVLFSHRGTTLDGGFRFGLSDGEHTSSGHF
				FRVTAQKQVLLSLEGSRTLTVCPGSVQPLSSQTLRASSSAGTDPQLLLYRVVRGPQL
				GRLFHAQQDSTGEALVNFTQAEVYAGNILYEHEMPTEPFWEAHDTLELQLSSPPAR
				DVAATLAVAVSFEAACPQRPSHLWKNKGLWVPEGQRAKITMAALDASNLLASVPS
				SQRLEHDVLFQVTQFPSRGQLLVSEEPLHAGQPHFLQSQLAAGQLVYAHGGGGTQQ
				DGFHFRAHLQGPAGATVAGPQTSEAFAITVRDVNERPPQPQASVPLRITRGSRAPIS
				RAQLSVVDPDSAPGEIEYEVQRAPINGFLSLVGGGPGPVNRFTQADVDSGRLAFVA
				NGSSVAGVFQLSMSDGASPPLPMSLAVDILPSAIEVQLQAPLEVPQALGRSSLSQQQ
				LRVVSDREEPEAAYRLIQGPKYGHLLVGGQPASAFSQLQIDQGEVVFAFTNFSSSHD
				HFRVLALARGVNASAVVNITVRALLHVWAGGPWPQGATLRLDPTILDAGELANRT
				GSVPRFRLLEGPRHGRVVRVPRARMEPGGSQLVEQFTQQDLEDGRLGLEVGRPEGR
				APSPTGDSLTLELWAQGVPPAVASLDFATEPYNAARPYSVALLSVPEATRTEAGKP
				ESSTPTGEPGPMASSPVPAVAKGGFLGFLEANMFSVIIPXCLVLLLLALILPLLFYLR
				KRNKTGKHDVQVLTAKPRNGLAGDTETFRKVEPGQAIPLTAVPGQGPPPGGQPDP
				ELLQFCRTPNPALKNGQYWV
252.	시아노물구스 MCSP 의 부분 서열	짧은꼬리원숭이 (시아노몰구스)	nt	CCCAGCAACGGACGGGTAGTGCTGCGGCGCGGCCCGGGCACCGAGGTGCGCAGC
				TTCACGCAGGCCCAGCTGGATGGCGGACTCGTGCTGTTCTCACACAGAGGAAC
				CCTGGATGGAGGCTTCCGCTTCGGCCTCTCCGATGGCGAGCACACTTCCTCTG
				GACACTTCTTCCGAGTGACGGCCCAGAAGCAAGTGCTCCTCTGCTGGAGGGC
				AGCCGGACACTGACTGTCTGCCCAGGGTCCGTGCAGCCACTCAGCAGTCAGACC

[1297]

[1298]

CTCAGAGCCAGCTCCAGCGCAGGCACCGACCCCCAGCTCCTGCTCTACCGTGTG				
GTGGGGGGCCCCCAGCTAGGCCGGCTGTTCCATGCCCAGCAGGACAGCACAGGG				
GAGGCCCTGGTGAACTTCACTCAGGCAGAGGTCTATGCTGGGAATATTCTGTA				
TGAGCATGAGATGCCCACCGAGCCCTTCTGGGAGGCCCATGATACCCTAGAGC				
TCCAGCTGTCCTCACCACCTGCCCGGGACGTGGCTGCCACCCTTGCTGTGGCTG				
TGTCTTTTGAGGCTGCCTGTCCCCAGCGCCCAGCCACCTCTGGAAGAACAAAG				
GTCTCTGGGTCCCCGAGGGCCAGCGGGCCAAGATCACCATGGCTGCCCTGGAT				
GCCTCCAACCTCTTGGCCAGCGTTCCATCATCCCAGCGCCTAGAGCATGATGTG				
CTCTTTCCAGGTCACGCAGTTCCCCAGCCGGGGCCAGCTATTGGTGTCTGAGGA				
GCCCCTCCAGCTGGGCAGCCCCCACTTCCTGCAGTCCCAGCTGGCTGCAGGGCA				
GCTAGTGTATGCCCACGGCGGTGGAGGTACCCAACAGGATGGCTTCCACTTTC				
GTGCCCACCTCCAGGGGCCAGCAGGGGCCACCGTGGCTGGACCCCAAACCTCAG				
AGGCTTTTGCCATCACGGTGCGGGATGTAAATGAGCGGCCCCCTCAGCCACAG				
GCCTCTGTCCCACTCCGGATCACCCGAGGCTCTCGAGCCCCCATCTCCCGGGCC				
CAGCTGAGTGTCGTGGACCCAGACTCAGCTCCTGGGGAGATTGAGTATGAGGT				
CCAGCGGGCACCCCACAACGGCTTCCTCAGCCTGGTGGGTGGCCCGGGCC				
CGTGAACCGCTTCACGCAAGCCGATGTGGATTCGGGGCGGCTGGCCTTCGTGG				
CCAACGGGAGCAGCGTAGCAGGCGTCTTCCAGCTGAGCATGTCTGATGGGCC				
AGCCCACCGCTGCCCATGTCCCTGGCCGTGGACATCCTACCATCCGCCATCGAG				
GTGCAGCTGCAGGCACCCCCTGGAGGTGCCCCAAGCTTTGGGGCGCTCCTCACTG				
AGCCAGCAGCAGCTCCGGGTGGTTTCAGATAGGGAGGAGCCAGAGGCAGCATA				
CCGCCTCATCCAGGGACCAAAGTACGGGCATCTCCTGGTGGGTGGGCAGCCCGC				
CTCGGCCTTCAGCCAACTCCAGATAGACCAGGGCGAGGTGGTCTTTGCCTTCA				
CCAACTTCTCCTCCTCCTCTCATGACCACTTCAGAGTCCTGGCACTGGCTAGGGT				
GTCAACGCATCAGCCGTAGTGAACATCACTGTGAGGGCTCTGCTGCAGGTGTG				
GGCAGGTGGGCCATGGCCCCAGGGTGCTACCCTGCGCCTGGACCCAACCATCCT				
AGATGCTGGCGAGCTGGCCAACCGCACAGGCAGTGTGCCCCGCTTCCGCCTCCT				
GGAGGGACCCCGGCATGGCCGCGTGGTCCGTGTGCCCCGAGCCAGGATGGAGCC				
TGGGGGCAGCCAGCTGGTGGAGCAGTTCACTCAGCAGGACCTTGAGGATGGGA				
GGCTGAGGCTGGAGGTGGGCAGGCCAGAGGGAAGGGCCCCCAGCCCCACAGGC				
GACAGTCTCACTCTGGAGCTGTGGGCACAGGGCGTCCCACCTGCTGTGGCCTCC				
CTGGACTTTGCCACTGAGCCTTACAATGCTGCCCGGCCCCTACAGCGTGGCCCTG				

				CTCAGTGTCCCCGAGGCCACCCGGACGGAAGCAGGGAAGCCAGAGAGCAGCACC CCCACAGGCGAGCCAGGCCCCATGGCATCTAGCCCCTGTGCCTGCTGTGGCCAAG GGAGGCTTCCTGGGCTTCCTTGAGGCCAACATGTTCAGTGTCATCATCCCCRT GTGCCTGGTCCTTCTGCTCCCTGCTCTTCTACCTCCG AAAACGCAACAAGACGGGCAAGCATGACGTCCAGGTCCTGACTGCCAAGCCCCG CAATGGTCTTGGCTGGTGACACTGAGACCTTTCGCAAGGTGGAGCCAGGCCAGG CCATCCCGCTCACAGCTGTGCCTGGCCAGGGGCCCCCTCCGGGAGGCCAGCCTG ACCCAGAGCTGCTGCAGTTCTGCCGGACACCCAACCCTGCCCTTAAGAATGGCC AGTACTGGGTG
253.	CD3 엡실론 쇄에 대한 PCR 프라이머 - 천방향 프라이머	인공	nt	AGAGTTCTGGGCCTCTGC
254.	CD3 엡실론 쇄에 대한 PCR 프라이머 - 역방향 프라이머	인공	nt	CGGATGGGCTCATAGTCTG
255.	His6-인간 CD3 엡실론	인공	aa	HHHHHHQDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTCPQYPGSEILWQHNDKNIGGDED DKNIGSDEDHLSLKEFSELEQSGYYVCYPRGSKPEDANFYLYLRARVCENCMEMDV MSVATIVIVDICITGGLLLLVYYWSKNRKAKAKPVTRGAGAGGRQRGQNKERPPPVP NPDYEPIRKGQRDLYSGLNQRRI
256.	His6-인간 CD3 엡실론	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA CTCCCATCATCACCATCATCATCATCACATGGTAATGAAGAAATGGGTGGTATTA CACAGACACCATATAAAGTCTCCATCTCTTGGAACCACAGTAATATTTGACATGC CCTCAGTATCCTGGATCTGAAATACTATGGCAACACAATGATAAAAACATAGG CGGTGATGAGGATGATAAAAACATAGGCAGTGATGAGGATCACCTGTCACTGA AGGAATTTTCAGAATTGGAGCAAAGTGGTTATTATGTCTGCTACCCCAGAGGA AGCAAACCAGAAGATGCGAACTTTTATCTCTACCTGAGGGCACGCGTGTGTGA GAACTGCATGGAGATGGATGTCGGTGGCCACAATTGTCATAGTGGACA TCTGCATCACTGGGGGCTTGCTGCTGGTTTACTACTGGAGCAAGAATAGA AAGGCCAAGGCCAAGCCTGTGACACGAGGAGCGGGTGCTGGCGGCAGGCAAAG GGGACAAAACAAGGAGAGGCCACCACCTGTTCCCAACCCAGACTATGAGCCCAT

[1299]

				CCGGAAAGGCCAGCGGGACCTGTATTCTGGCCTGAATCAGAGACGCATC
257.	CD33 AH3 HL x H2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTY TGEPTYADDFKGRVTMSSDTSTSTAYLELNSLRSDDTAIYYCARWSWSDGYVVYFD YWGQGTTVTVSSgggggsgggggsgggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLDS SKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPEDS ATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGF TFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAY LQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSG GGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIG GTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKL TVL
258.	CD33 AH3 HL x H2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGAGAGTCAGT CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT GGGTGAGGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGTC TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTTGGAAATCAACAGCCTCAGAAGTG ATGACACGGCTATATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGACCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAG GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAACACT GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG

[1300]

				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
259.	CD33 AH3 HL x F12Q HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTY
				TGEPTYADDFKGRVTMSSDTSTSTAYLEINSLRSDDTAIYYCARWSWSDGYYVYFD
				YWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLDS
				SKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPEDS
				ATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGF
				TFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAY
				LQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGS
				GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
260.	CD33 AH3 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAGGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGTC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTTGGAAATCAACAGCCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTATATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAACAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA

[1301]

				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
261.	CD33 AH3 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVRQAPGQGLEWMGWINTY
				TGEPTYADDFKGRVTMSSDTSTSTAYLEINSLRSDDTAIYYCARWSWSDGYYVFD
				YWGQGTTVTVSSgggsggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLDS
				SKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPEDS
				ATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGF
				TFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAY
				LQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSG
				GGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIG
				GTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKL
				TVL
262.	CD33 AH3 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAGGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGTC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTTGGAAATCAACAGCCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTATATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG

[1302]

				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
263.	CD33 AF5 HL x H2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINT YTGEPTYADDFKGRVTMTSDTSTSTAYLELHNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYVVY FDYWGQGTTVTVSSgggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL DSSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK LTVL

[1303]

264.	CD33 AF5 HL x H2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGCGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGACGGGTTACCATGAC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTTGGAACTCCACAACCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
265.	CD33 AF5 HL x F12Q HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINT
				YTGEPTYADDFKGRVTMTSDTSTSTAYLELHNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYVVY
				FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL

[1304]

				DSSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
				GSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR
				GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
266.	CD33 AF5 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGCGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGAC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTTGGAACTCCACAACCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTTCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCGGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC

[1305]

[1306]

				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
267.	CD33 AF5 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINT
				YTGEPTYADDFKGRVTMTSDTSTSTAYLELHNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYVVY
				FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTTDSLQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
268.	CD33 AF5 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGCGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGACGGGTTACCATGAC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTTGGAACTCCACAACCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAAATTATTGCAACATATTATG

				CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
269.	CD33 AC8 HL x H2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTY
				TGEPTYADDFKGRVTMTTDTSTSTAYMELRNLRNDDTAVYYCARWSWSDGYYVY
				FDYWGQGTTVTVSSgggggggggggggggSDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
270.	CD33 AC8 HL x H2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATTGAC
				TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCAGAAATG
				ATGACACGGCTGTATATTTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC

[1307]

			TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
			ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
			TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
			GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
			GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
			ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATG
			CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
			GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
			TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
			GCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
			GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
			CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
			TTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
			GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
			TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
			GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
			CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
271.	CD33 AC8 HL x F12Q HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTY
				TGEPTYADDFKGRVTMTTDTSTSTAYMEIRNLRNDDTAVYYCARWSWSDGYYVY
				FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
				GSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR
				GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
272.	CD33 AC8 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGAC

[1308]

				TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCAGAAATG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
			aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTY
				TGEPTYADDFKGRVTMTTDTSTSTAYMEIRNLRNDDTAVYYCARWSWSDGYVVY
				FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
	CD33 AC8 HL x I2C HL	인공		
273.				

[1309]

				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK LTVL
274.	CD33 AC8 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGAC TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCAGAAATG ATGACACGGCTGTATATTTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC GTTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA GATTAAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT GCCTATCTACAAATGAACAACTTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTG TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA

[1310]

275.	CD33 AH11 HL x H2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTY TGEPTYADDFKGRVTMTSDTSTSTAYMEISSLRSDDTAVYYCARWSWSDGYVVYF DYWGQGTTVTVSSgggsggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLD SSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPED SATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGS GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK LTVL
276.	CD33 AH11 HL x H2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC TACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGAC TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGCAAATCAGCAGCCTCAGAAGTG ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC

[1311]

				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
277.	CD33 AH11 HL x F12Q HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTY
				TGEPTYADDFKGRVTMTSDTSTSTAYMELSSLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYF
				DYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLD
				SSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPED
				SATYYCQQSAHFPTTFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
278.	CD33 AH11 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGAC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCAGCAGCCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAG

[1312]

			GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
			ACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
			CCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
			GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
			TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGG
			GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
			GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
			CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
			TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
			GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
			TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
			GAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
			CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
279.	CD33 AH11 HL x I2C HL	인공	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTY
			TGEPTYADDFKGRVTMTSDTSTSTAYMEISSLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYF
			DYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLD
			SSKNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPED
			SATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
			FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA
			YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGS
			GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI
			GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
			LTVL
280.	CD33 AH11 HL x I2C HL	인공	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
			CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
			GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAAAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
			TACACTGGAGAGCCCAACATATGCTGATGACTTCAAGGGACGGGTTACCATGAC
			TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCAGCAGCCTCAGAAGTG
			ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
			GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
			TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA

[1313]

[1314]

			CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCT
			TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
			TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
			ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
			TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
			GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
			GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
			ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
			CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAACACT
			GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
			TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
			GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
			GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
			CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
			TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGCACCCC
			GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
			TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
			GAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
			CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
281.	CD33 B3 HL x H2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY TGETNYADKFQGRVTFTSDTSTSTAYMELRNLKSDDTAVYYCARWSWSDGYYVY FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSMTVSLGERTTINCKSSQSVL DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGL IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK LTVL
282.	CD33 B3 HL x	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT

[1315]

			H2C HL	CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGACAAACTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCTTCAC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAACTCCGCAACCTCAAAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCATGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAAC
				TGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGC
				TTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCAT
				CTACGGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
				GATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTA
				TTGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGG
				ACATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGA
				GGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATT
				CACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTT
				TGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTAT
				GCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACAC
				TGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACT
				GTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGG
				GGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGG
				CGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCA
				CCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCCTCGACTGGGGCT
				GTTACATCTGGCTACTACCCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCC
				CGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATT
				CTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCC
				AGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGT
				TCGGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
			CD33 B3 HL x F12Q HL	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGETNYADKFQGRVTFTSDTSTSTAYMELRNLKSDDTAVYYCARWSWSDGYYVY
				FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSMTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
283.				

[1316]

			DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
			GFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT
			AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
			GSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR
			GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
			TKLTVL
284.	CD33 B3 HL x F12Q HL	인공	nt
			CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
			CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
			GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
			TACACTGGAGAGACAAACTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCTTCAC
			TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAACTCCGCAACCTCAAAAGTG
			ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTTGGAGTGATGGTTACTAC
			GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
			TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
			CACAGTCTCCAGACTCCATGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAAC
			TGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGC
			TTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCAT
			CTACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
			GATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTA
			TTGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGG
			ACATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGA
			GGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATT
			CACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTT
			TGGAATGGGTTGCTCGGCATAAGAAGTAAATATAAATTATTATGCAACATATTAT
			GCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACAC
			TGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACT
			GTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGG
			GGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGG
			CGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCA
			CCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCCTCGACTGGGGCT
			GTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCC
			CGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATT

				CTCAGGCTCCCTGCTTGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCC
				AGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGTGT
				TCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
285.	CD33 B3 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGETNYADKFQGRVTFTSDTSTSTAYMELRNLKSDDTAVYYCARWSWSDGYYVY
				FDYWGQGTTVTVSSgggsggggsggggsDIVMTQSPDSMTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLDIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
286.	CD33 B3 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGACAAACTATGCTGATAAGTTCCAGGACGCGTTACCTTCAC
				TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAACTCCGCAACCTCAAAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCATGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAAC
				TGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGC
				TTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCAT
				CTACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACA
				GATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTA
				TTGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGG
				ACATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGA
				GGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATT
				CACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTT
				TGGAATGGGTTGCTGGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTAT
				GCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACAC

[1317]

			TGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACT
			GTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGG
			GGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGG
			CGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCA
			CCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCT
			GTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCC
			CGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATT
			CTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCC
			AGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGT
		인공	TCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
287.	CD33 F2 HL x H2C HL	인공	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
			TGETNYADKFQGRVTFTSDTSTSTAYMELRNLKSDDTAVYYCARWSWSDGYYVY
			FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLSVSLGERTTINCKSSQSVL
			DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
			DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
			GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
			AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
			SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGL
			IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
			LTVL
288.	CD33 F2 HL x H2C HL	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
			CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
			GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
			TACACTGGAGAGACAAACTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCTTCAC
			TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAACTCCGCAACCTCAAAAGTG
			ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
			GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
			TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
			CACAGTCTCCAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTGGGGCGAGAGGCACCACATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGCT
			TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
			TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG

[1318]

				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGACACGACTGGA GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTTGGCGGCGC GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG TTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
289.	CD33 F2 HL x F12Q HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY TGETNYADKFQGRVTFTSDTSTSTAYMELRNLKSDDTAVYYCARWSWSDGYYVY FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLSVSLGERTTINCKSSQSVL DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGG GSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG TKLTVL
290.	CD33 F2 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC TACACTGGAGAGACAAACTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCTTCAC TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAACTCCGCAACCTCAAAAGTG

[1319]

				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCTGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
291.	CD33 F2 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGETNYADKFQGRVTFTSDTSTSTAYMELRNLKSDDTAVYYCARWSWSDGYYVY
				FDYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLSVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL

[1320]

[1321]

				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK LTVL
292.	CD33 F2 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC TACACTGGAGAGACAAACTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCTTCAC TTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAACTCCGCAACCTCAAAAGTG ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA CACAGTCTCCAGACTCCCTGTCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGCT TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG GCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCC GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA GAGGATGAGGCAGAATATTTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
293.	CD33 B10 HL x	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY

			TGEPTYADKFQGRVTMTTDTSTSTAYMEIRNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYF
	H2C HL		DYWGQGTTVTVSSgggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLD
			SSNNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDGLQPED
			SATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
			FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA
			YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGS
			GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLI
			GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
			LTVL
294.	CD33 B10 HL x H2C HL	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGTCAGTCAGT
			CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
			GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
			TACACTGGAGAGCCAACCTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCATGAC
			TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGCGAAATCCGCAACCTCAGAAGTG
			ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
			GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
			TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
			CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGACCACGATCAACT
			GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAACAATAAGAACTCCTTAGCT
			TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
			TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGTTCTGGGACAG
			ATTTCACTCTCACTATTGACGGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
			TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
			GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
			GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
			ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
			CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
			GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
			TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
			GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
			GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC

[1322]

				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
295.	CD33 B10 HL x F12Q HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGEPTYADKFQGRVTMTTDTSTSTAYMEIRNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYF
				DYWGQGTTVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLD
				SSNNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDGLQPED
				SATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
296.	CD33 B10 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGTGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACCTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCATGAC
				TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAACAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACGGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTTCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC

[1323]

				ACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATATAAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTTGGCGGCGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
297.	CD33 B10 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGEPTYADKFQGRVTMTTDTSTSTAYMEIRNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYF
				DYWGQGTTVTVSSgggsggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLD
				SSNNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDGLQPED
				SATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASG
				FTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTA
				YLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGS
				GGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLI
				GGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
298.	CD33 B10 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGTCAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACCTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCATGAC
				TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCAGAAGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACGATCAACT

[1324]

				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCAACAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACGGCCTGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
299.	CD33 E11 HL x H2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGEPTYADKFQGRVTMTTDTSTSTAYMEIRNLGGDTAVYYCARWSWSDGYVVY
				FDYWGQGTSVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSPQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
300.	CD33 E11 HL x H2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT

[1325]

				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCCAACCTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCATGAC
				TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCGGAGGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTTCGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCCGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGEPTYADKFQGRVTMTTDTSTSTAYMELRNLGGDDTAVYYCARWSWSDGYVVY
				FDYWGQGTSVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLISWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSPQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
301.	CD33 E11 HL x F12Q HL	인공	aa	

[1326]

				GFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
				GSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR
				GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
302.	CD33 E11 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACCTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCATGAC
				TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCGGAGGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTTCGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCCGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTTCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA

[1327]

				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
303.	CD33 E11 HL x I2C HL	인공	aa	CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				QVQLVQSGAEVKKPGESVKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLEWMGWINTY
				TGEPTYADKFQGRVTMTTDTSTSTAYMEIRNLGGDDTAVYYCARWSWSDGYYVY
				FDYWGQGTSVTVSSggggsggggsggggsDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVL
				DSSTNKNSLAWYQQKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSPQPE
				DSATYYCQQSAHFPITFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGL
				IGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTK
				LTVL
304.	CD33 E11 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGAGAGTCAGT
				CAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATACCTTCACAAACTATGGAATGAACT
				GGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAGAGTGGATGGGCTGGATAAACACC
				TACACTGGAGAGCCAACCTATGCTGATAAGTTCCAGGGACGCGTTACCATGAC
				TACGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATATGGAAATCCGCAACCTCGGAGGTG
				ATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCTGGAGTTGGAGTGATGGTTACTAC
				GTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACTTCGGTCACCGTCTCCTCAGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGA
				CACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACT
				GCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGCTCCACGAATAAGAACTCCTTAGCT
				TGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCCTAAATTACTCCTTTCCTGGGCATC
				TACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAG
				ATTTCACTCTCACTATTGACAGCCCGCAGCCTGAAGATTCTGCAACTTACTAT
				TGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCACCTTTGGCCAAGGGACACGACTGGA
				GATTAAATCCGGAGGTGGTGGCTCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTC
				ACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG

[1328]

[1329]

				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGG
				GCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
305.	CD33	인간	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA
				CTCCGATCCAAATTTCTGGCTGCAAGTGCAGGAGTCAGTGACGGTACAGGAGG
				GTTTGTGCGTCCTCGTGCCCTGCACTTTCTTTCCATCCCATACCCTACTACGACA
				AGAACTCCCCAGTTCATGGTTACTGGTTCCGGGAAGGAGCCATTATATCCGGG
				GACTCTCCAGTGGCCACACAAACAAGCTAGATCAAGAAGTACAGGAGGAGACTCA
				GGGCAGATTCCGCCTCCTTGGGGATCCCAGTAGGAACAACTGCTCCCTGAGCA
				TCGTAGACGCCAGGAGAGGGATAATGGTTCATACTTCTTTCGGATGGAGAGA
				GGAAGTACCAAATACAGTTACAAATCTCCCCAGCTCTCTGTGCATGTGACAGA
				CTTGACCCACAGGCCCAAAATCCTCATCCCTGGCACTCTAGAACCCGGCCACTC
				CAAAAACCTGACCTGCTCTGTGTCCTGGGCCTGTGAGCAGGGAACACCCCCGAT
				CTTCTCCTGGTTTGTCAGCTGCCCCCACCTCCCTGGGCCCCAGGACTACTCACTC
				CTCGGTGCTCATAATCACCCCACGGCCCCAGGACCACGGCACCAACCTGACCTG
				TCAGGTGAAGTTCGCTGGAGCTGGTGTGACTACGGAGAGAACCATCCAGCTCA
				ACGTCACCTATGTTCCACAGAACCCAACAACTGGTATCTTTCCAGGAGATGGC
				TCAGGGAAACAAGAGACCAGAGGCAGGAGTGGTTCATGGGGCCATTGGAGGAGC
				TGGTGTTACAGCCCTGCTCGCTCTTTGTCTCTGCCTCATCTTCTTCATAGTGA
				AGACCCACAGGAGGAAAGCAGCCAGGACAGCAGTGGGCAGGAATGACACCCACC
				CTACCACAGGGTCAGCCTCCCCGAAACACCAGAAGAAGTCCAAGTTACATGGCC
				CCACTGAAACCTCAAGCTGTTCAGGTGCCGCCCTACTGTGGAGATGGATGAG
				GAGCTGCATTATGCTTCCCTCAACTTTCATGGGATGAATCCTTCCAAGGACAC
				CTCCACCGAATACTCAGAGGTCAGGACCCAGTCCGGGCATCATCACCATCATCA
				TTTGA
306.	CD33	인간	aa	MGWSCIILFLVATATGVHSDPNFWLQVQESVTVQEGLCVLVPCTFFHPIPYYDKNS

[1330]

			PVHGYWFREGAIISGDSPVATNKLDQEVQEETQGRFRLLGDPSRNNCSLSIVDARRR
			DNGSYFFRMERGSTKYSYKSPQLSVHVTDLTHRPKILIPGTLEPGHSKNLTCSVSW
			ACEQGTPPIFSWLSAAPTSLGPRTTHSSVLIITPRPQDHGTNLTCQVKFAGAGVTTE
			RTIQLNVTVVPQNPTTGIFPGDGSGKQETRAGVVHGAIGGAGVTALLALCLCLIFFI
			VKTHRRKAARTAVGRNDTHPTTGSASPKHQKKSKLHGPTETSSCSGAAPTVEMD
			EELHYASLNFHGMNPSKDTSTEYSEVRTQSGHHHHHH
307.	CD33	짧은꼬리 원숭이	nt	ATGCCGCTGCTGCTACTGCTGCCCCTGCTGTGGGCAGGGGCCCTGGCTATGGA
				TCCAAGAGTCAGGCTGGAAGTGCAGGAGTCAGTGACAGTACAGGAGGGTTTGT
				GCGTCCTTGTGCCCTGCACTTTCTTCCATCCCCGTACCCTACCACACCAGGAATT
				CCCCAGTTCATGGTTACTGGTTCCGGGGAAGGAGCCATTGTATCCTTGGACTCT
				CCAGTGGCCACAAACAAGCTAGATCAAGAAGTACAGGAGGAGACCCAGGGCCG
				ATTCCGCCTCCTTGGGATCCCAGTAGGAACAACTGCTCCCTGAGCATCGTAG
				ATGCCAGGAGGAGGATAACGGTTCATACTTCTTTCGGATGGAGAAAGGAAGT
				ACCAAATACAGTTACAAATCTACCCAGCTCTCTGTGCATGTGACAGACTTGAC
				CCACAGGCCCCAAATCCTCATCCCTGGAGCCCTAGACCCTGACCACTCCAAAAA
				CCTGACCTGCTCTGTGCCCTGGGCCTGTGAGCAGGGAACACCTCCAATCTTCTC
				CTGGATGTCAGCTGCCCCCACCTCCCTGGGCCTCAGGACCACTCACTCCTCGGT
				GCTCATAATCACCCCACGGCCCAGGACCACGGCACCCAACCTCACCTGTCAGGT
				GAAGTTCCCTGGAGCTGGCGTGACCACGGAGAGAACCATCCAGCTCAATGTCT
				CCTATGCTTCACAGAACCCAAGAACTGATATCTTTCTAGGAGACGGCTCAGGG
				AAACAAGGAGTGGTTCAGGGAGCCATCGGGGGAGCTGGTGTCACAGTCCTGCT
				CGCTCTTTGTCTCTGCCTCATCTTCTTCACAGTGAAGACTCACAGGAGGAAAG
				CAGCCAGGACAGCAGTGGGCAGGATCGACACCCACCCCGCCACAGGGCCAACAT
				CCTCGAAACACCAGAAGAAGTCCAAGTTACATGGCGCCACTGAAACCTCAGGCT
				GTTCAGGTACCACCCTTACTGTGGAGATGGATGAGGAGCTGCACTACGCTTCC
				CTCAACTTTCATGGGATGAATCCTTCTGAGGACACCTCCACCGAATACTCAGA
				GGTCAGGACCCAGTGA
308.	CD33	짧은꼬리 원숭이	aa	MPLLLLPLLWAGALAMDPRVRLEVQESVTVQEGLCVLVPCTFFHPVPYHTRNSP
				VHGYWFREGAIVSLDSPVATNKLDQEVQEETQGRFRLLGDPSRNNCSLSIVDARRR
				DNGSYFFRMEKGSTKYSYKSTQLSVHVTDLTHRPQILIPGALDPDHSKNLTCSVPW
				ACEQGTPPIFSWMSAAPTSLGLRTTHSSVLIITPRPQDHGTNLTCQVKFPGAGVTT
				ERTIQLNVSYASQNPRTDIFLGDGSGKQGVVQGAIGGAGVTVLLALCLCLIFFTVKT

				HRRKAARTAVGRIDTHPATGPTSSKHQKKSKLHGATETSGCSGTTLTVEMDEELH YASLNFHGMNPSEDTSTEYSEVRTQ
309.	1-27 CD3-Fc + 리더	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA CTCCCAAGATGGTAATGAAGAAATGGGTGGTATTACACAGACACCATATAAAG TCTCCATCTCTGGAACCACAGTAATATTGACATCCGGAGAGCCCAAATCTTGT GACAAAACTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGACC GTCAGTCTTCCTCTTCCCCCCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGA CCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTC AAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCC GCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCC TGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAA GCCCTCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCG AGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACC AGGTCAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTG GAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGT GCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGA GCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTG CACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAAAATAG
310.	1-27 CD3-Fc + 리더	인공	aa	MGWSCIILFLVATATGVHSQDGNEEMGGITQTPYKVSISGTTVILTSGEPKSCDKT HTCPPCPAPELLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWY VDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIE KTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN NYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLS PGK
311.	CD33 UD H2C HL x AF5 HL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS YWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS STGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG VQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVLSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASV KVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTYTGEPTYADDFKGRVTMT SDTSTSTAYLELHNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYFDYWGQGTTVTVSSGGG GSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLDSSKNKNSLAWYQQ

[1331]

[1332]

				KPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPEDSATYYCQQSAHFP
312.	CD33 UD H2C HL x AF5 HL	인공	nt	ITFGQGTRLEIK
				GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA
				CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTG
				TGCTCTATGGTACAGCAACCGCTTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTG
				TCCTATCCGGAGGTGGTGGCTCCCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAG
				GTGAAGAAGCCTGGAGCGTCAGTCAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATAC
				CTTCACAAACTATGGAATGAACTGGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAA
				AGTGGATGGGCTGGATAAACACCTACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGAC
				TTCAAGGGACGGGTTACCATGACTTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTT
				GGAACTCCACACAACCTCAGAAGTGATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGGCT
				GGAGTTGGAGTGATGGTTACTACGTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACT
				ACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGG
				TGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTC
				TGGGCGAGAGGACCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGC
				TCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCC
				TAAATTACTCCTTTCCTGGGCATCTACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGAT
				TCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAG
				CCTGAAGATTCTGCAACTTACTATTGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCAC
				CTTTGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
313.	CD33 UD F12Q	인공	aa	EVQLVESGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY

[1333]

				NNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVS
	HL x AF5 HL			WWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLS
				GVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGAS
				VKVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTYTGEPTYADDFKGRVTM
				TSDTSTSTAYLELHNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYFDYWGQGTTVTVSSGG
				GGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLDSSKNKNSLAWYQ
				QKPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPEDSATYYCQQSAHF
				PITFGQGTRLEIK
314.	CD33 UD F12Q HL x AF5 HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGGTGGTGGTTCTCAGA
				CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTG
				TGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGGTGGAGGAACCAAACTGACTG
				TCCTATCCGGAGGTGGTGGCTCCCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAG
				GTGAAGAAGCCTGGAGCGTCAGTCAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATAC
				CTTCACAAACTATGGAATGAACTGGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAA
				AGTGGATGGGCTGGATAAACACCTACACTGGAGAGCCAACATATGCTGATGAC
				TTCAAGGACGGGTTACCATGACTTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTT
				GGAACTCCACAACCTCAGAAGTGATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCT
				GGAGTTGGAGTGATTGGTTACTACGTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACT
				ACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGG
				TGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTC

				TGGGCGAGAGGACCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGC
				TCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCC
				TAAATTACTCCTTTCCTGGGCATCTACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGAT
				TCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAG
				CCTGAAGATTCTGCAACTTACTATTGTCAACAGTCTGCCCACTTCCCGATCAC
				CTTTGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
315.	CD33 UD I2C HL x AF5 HL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS
				STGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
				VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVLSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASV
				KVSCKASGYTFTNYGMNWVKQAPGQGLKWMGWINTYTGEPTYADDFKGRVTMT
				SDTSTSTAYLELHNLRSDDTAVYYCARWSWSDGYYVYFDYWGQGTTVTVSSGGG
				GSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLDSSKNKNSLAWYQQ
				KPGQPPKLLLSWASTRESGIPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPEDSATYYCQQSAHFP
				ITFGQGTRLEIK
316.	CD33 UD I2C HL x AF5 HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT
				AGCTACATATCCTACTGGGCCTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTC
				CTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGA
				CTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTG
				GGTCCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTG
				TGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGGTGGAGGAACCAAACTGACTG
				TCCTATCCGGAGGTGGTGGCTCCCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAG
				GTGAAGAAGCCTGGAGCGTCAGTCAAGGTCTCCTGCAAGGCTAGCGGGTATAC

[1334]

				CTTCACAAACTATGGAATGAACTGGGTGAAGCAGGCTCCAGGACAGGGTTTAA
				AGTGGATGGGCTGGATAAACACCTACACTGGAGAGCCAACATATGCCTGATGAC
				TTCAAGGGACGGGTTACCATGACTTCGGATACCTCTACCAGCACTGCCTATTT
				GGAACTCCACAACCTCAGAAGTGATGACACGGCTGTATATTACTGTGCGCGCT
				GGAGTTGGAGTGATGGTTACTACGTTTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACT
				ACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGG
				TGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGTCTCCAGACTCCCTGACTGTGTCTC
				TGGGCGAGAGGACCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGTGTTTTAGACAGC
				TCCAAGAATAAGAACTCCTTAGCTTGGTACCAGCAGAAACCAGGACAGCCTCC
				TAAATTACTCCTTTCCTGGGCATCTACGCGGGAATCCGGGATCCCTGACCGAT
				TCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACTATTGACAGCCTGCAG
				CCTGAAGATTCTGCAACTTACTATTGTCAACAGTCTGTCCCACTTCCCGATCAC
				CTTTGGCCAAGGGACACGACTGGAGATTAAA
317.	MCSP-A9 HL x H2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYPFTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGGTNYAQKFQGRVTITADESTSTAYMELSRLRSDDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSS
				SNNKNYLNWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAED
				VAVYYCQQHFNTPFAFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRG
				LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
318.	MCSP-A9 HL x H2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACCCCTTCACCGGCTACTACATGCACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGAATCAACCCT
				AACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGAGTCACGATTAC
				CGCGGACGAATCCACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTG
				ACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG

[1335]

				AGTGTCTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACTACTTAAATTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCGGTTTATTACTGTCAACAACATTT
				TAATACTCCGTTCGCTTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACGGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
319.	MCSP-A9 HL x F12Q HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYPFTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGGTNYAQKFQGRVTMTADESTSTAYMELSRLRSDDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSS
				SNNKNYLNWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAED
				VAVYYCQQHFNTPFAFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYVSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGG
				GSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPR
				GLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGG
				GTKLTVL
320.	MCSP-A9 HL x F12Q HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACCCCTTCACCGGCTACTACATGCACT

[1336]

				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGAGTCACGATTAC
				CGCGGACGAATCCACGAGCACACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTG
				ACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTCTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACTACTTAAATTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCGGTTTATTACTGTCAACAACATTT
				TAATACTCCGTTCGCTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAGCTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCGGATTCAGTGAAA
				GGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
			aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYPFTGYYMHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
		인공		SGGTNYAQKFQGRVTITADESTSTAYMELSRLRSDDTAVYYCAKSWVSWFASWG
	MCSP-A9 HL x I2C HL			QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSS
				SNNKNYLNWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAED
321.				VAVYYCQQHFNTPFAFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS

[1337]

				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG
				LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
322.	MCSP-A9 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACCCCTTCACCGGCTACTACATGCACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGGCACAAACTATGCACAGAAGTTTCAGGGCAGAGTCACGATTAC
				CGCGGACGAATCCACGAGCACACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGGCTGAGATCTG
				ACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTCTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACTACTTAAATTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCGGTTTATTACTGTCAACAACATTT
				TAATACTCCGTTCGCTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTGGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA

[1338]

				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
323.	MCSP-C8 HL x I2C HL	인공	aa	CAAACTGACTGTCCTA QVQLVQSGAEVKKPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNS KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISGLQAED VAVYYCQQHYSTPFTFGPGTKVDIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGG TKLTVL
324.	MCSP-C8 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGG CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC ATCAGTGGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAACATTA TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCCTGGACCAAAGTGGATATCAAATCCGGAG GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC GCATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA

[1339]

				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
325.	MCSP-B8 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLTVSPGERATINCKSSQSVLNS
				KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPED
				SATYYCQQHYSTPFTFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG
				LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
326.	MCSP-B8 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGACTGTGTCTCCGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCGATTCCCTGCAGCCTGAAGATAGTGCAACTTATTACTGTCAGCAACATTA

[1340]

[1341]

				TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCAGGGACCAGACTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
327.	MCSP-B7 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLTVSLGERTTINCKSSQSVLNS
				KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPED
				IATYYCQQHYSTPFTFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG
				LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
328.	MCSP-B7 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC

[1342]

				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGACCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCGATTCCCTGCAGCCTGAAGATATTTGCAACTTATTACTGTCAGCAACATTA
				TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCAGGGGACCAGAGACTGGAGATCAAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
329.	MCSP-G8 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLTVSLGERATINCKSSQSVLNS KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPED SATYYCQQHYSTPFTFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG

				TKLTVL
330.	MCSP-G8 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCGATTCCCTGCAGCCTGAAGATAGTGCAACTTATTACTGTCAGCAACATTA
				TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCAGGGGACCAGACTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
331.	MCSP-D5 HL x I2C HL		aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG

[1343]

			QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNS
			KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQAED
			SATYYCQQHYSTPFTFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
			GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
			AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
			SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG
			LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
			TKLTVL
332.	MCSP-D5 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCGATTCCCTGCAGGCTGAAGATAGTGCAACTTATTACTGTCAGCAACATTA
				TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCAGGGGACCAGACTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC

[1344]

				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
333.	MCSP-F7 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLNS
				KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTIDVLQPED
				IATYYCQQHYSTPFTFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG
				LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
334.	MCSP-F7 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAAATCCTGGGTCTCCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCGATGTCCTGCAGCCTGAAGATATTGCAACTTATTACTGTCAGCAACATTA
				TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCAGGGGACCAGACTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC

[1345]

				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
335.	MCSP-G5 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN
				SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG
				QGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGDRATINCKSSQSVLNS
				KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQPED
				SATYYCQQHYSTPFTFGQGTRLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS
				GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT
				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG
				LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
336.	MCSP-G5 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA

[1346]

				ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCGATTCCCTGCAGCCTGAGGATAGTGCAACTTATTACTGTCAGCAACATTA
				TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCAGGGACCAGACTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
337.	MCSP-F8 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLTVSLGERATINCKSSQSVLNS KNNRNYLAWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTIDSLQAED SAIYYCQQHYSTPFTFGQGTRLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG SGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG TKLTVL
338.	MCSP-F8 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT

[1347]

				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACCCAGTCTCCAGACT
				CCCTGACTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTTTTAAACAGCAAGAACAATAGGAACTACTTAGCTTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGCTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCGATTCCCTGCAGGCTGAAGATAGTGCAATTTATTACTGTCAGCAACATTA
				TAGTACTCCATTCACTTTTGGCCAGGGGACCAGACTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC
				CAAACTGACTGTCCTA
339.	MCSP-G10 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASMKVSCKASGYTFTNYYIHWVRQAPGQGLEWMGWINPN SGATNYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCAKSWVSWFASWG QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLSS SNNKNYLNWYQQKPGQPPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAED VAVYYCQQHFNTPFAFGQGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAAS GFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNT

[1348]

				AYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGG
				SGGGGSQIVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRG
				LIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGG
				TKLTVL
340.	MCSP-G10 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAAT
				GAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGGTACACCTTCACCAACTACTATATACACT
				GGGTGCGACAGGCCCCTGGACAAGGTCTTGAGTGGATGGGTTGGATCAACCCT
				AACAGTGGTGCCACAAACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGAC
				CAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTG
				AGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAAATCCTGGGTCTCCTGGTTTGCTTCC
				TGGGGGTCAAGGAACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGG
				CGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGTCTCCAGACT
				CCCTGGCTGTGTCTCTGGGCGAGAGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAG
				AGTGTCTTATCCAGCTCCAACAATAAGAACTACTTAAATTGGTACCAGCAGAA
				ACCAGGACAGCCTCCTAAGTTGCTCATTTACTGGGCATCTACCCGGGAATCCG
				GGGTCCCTGACCGATTCAGTGGCAGCGGGTCTGGGACAGATTTCACTCTCACC
				ATCAGCAGCCTGCAGGCTGAAGATGTGGCGGTTTATTACTGTCAACAACATTT
				TAATACTCCGTTCGCTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGAGATCAAATCCGGAG
				GTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCT
				GGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTA
				CGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTC
				GCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAA
				GACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACACTGCCTATCTACAAAT
				GAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGA
				ACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTG
				GTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG
				TGGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAC

[1349]

341.	인간 CD3 엡실론 1-8 (N-말단)	인간	aa	CAAACTGACTGTCCTA	
342.	*사이비리 시우레우스* CD3 엡실론 1-8 (N-말단)	*사이비리 시우레우스*	aa	QDGNEEMG	QDGNEEIG
343.	티오에이트-개질된 CpG-올리고뉴클레오티드	인공	nt	TCCATGACGTTCCTGATGCT	
344.	MVH1	인공	nt	(GC)AGGTGCAGCTCGAGGAGTCAGGACCT	
345.	MVH2	인공	nt	GAGGTCCAGCTCGAGCAGTCTGGACCT	
346.	MVH3	인공	nt	CAGGTCCAACTCGAGCAGCCTGGGGCT	
347.	MVH4	인공	nt	GAGGTTCAGCTCGAGCAGTCTGGGGCA	
348.	MVH5	인공	nt	GA(AG)GTGAAGCTCGAGGAGTCTGGAGGA	
349.	MVH6	인공	nt	GAGGTGAAGCTTCTCGAGTCTGGAGGT	
350.	MVH7	인공	nt	GAAGTGAAGCTCGAGGAGTCTGGGGGA	
351.	MVH8	인공	nt	GAGGTTCAGCTCGAGCAGTCTGGAGCT	
352.	MuVHBstEII	인공	nt	TGAGGAGACGGTGACCGTGGTCCCTTGGCCCCAG	
353.	MUVK1	인공	nt	CCAGTTCCGAGCTCGTTGTGACTCAGGAATCT	
354.	MUVK2	인공	nt	CCAGTTCCGAGCTCGTGTTGACGCAGCCGCCC	
355.	MUVK3	인공	nt	CCAGTTCCGAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCA	
356.	MUVK4	인공	nt	CCAGTTCCGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCA	
357.	MUVK5	인공	nt	CCAGATGTGAGCTCGTGATGACCCAGACTCCA	
358.	MUVK6	인공	nt	CCAGATGTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCA	
359.	MUVK7	인공	nt	CCAGTTCCGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCA	
360.	MuVkHindIII/BsiW1	인공	nt	TGGTGCACTAGTCGTACGTTTGATCTCAAGCTTGGTCCC	
361.	전방향 프라이머	인공	nt	GATCTGGTCTACACCATCGAGC	

[1350]

362.	역방향 프라이머	인공	nt	GGAGCTGCTGCTGGCTCAGTGAGG	
363.	전방향 프라이머	인공	nt	TTCCAGCTGAGCATGTCTGATGG	
364.	역방향 프라이머	인공	nt	CGATCAGCATCTGGGCCCAGG	
365.	전방향 프라이머	인공	nt	GTGGAGCAGTTCACTCAGCAGGACC	
366.	역방향 프라이머	인공	nt	GCCTTCACACCCAGTACTGGCC	
367.	전방향 프라이머	인공	nt	TCCCGTACGAGATCTGGATCCCAATTGGATGGCGGACTCGTGCTGTTCTCACA CAGAGG	
368.	역방향 프라이머	인공	nt	AGTGGGTCGACTCACACCCAGTACTGGCCATTCTTAAGGGCAGGG	
369.	전방향 프라이머	인공	nt	GAGGAATTCACCATGCCGCTGCTGCTACTGCTGCCCCTGCTGTGGGCAGGGGC CCTGGCTATGG	
370.	역방향 프라이머	인공	nt	GATTTGTAACTGTATTTGGTACTTCC	
371.	전방향 프라이머	인공	nt	ATTCCGCCTCCTTGGGGATCC	
372.	역방향 프라이머	인공	nt	GCATAGGAGACATTGAGCTGGATGG	
373.	전방향 프라이머	인공	nt	GCACCAACCTGACCTGTCAGG	
374.	역방향 프라이머	인공	nt	AGTGGGTCGACTCACTGGGTCCTGACCTCTGAGTATTCG	
375.	PSCA-1 VL	인공	aa	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCSASSSVRFIHWYQQKPGKAPKRLIYDTSKLASGVP SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQWSSSPFTFGQGTKVEIK	
376.	PSCA-1 VL	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGAGCCCATCCAGCCTGTCTGCTAGCGTGGGCGACAGA GTGACCATCACCTGCAGCGCCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGGTATCA GCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGAGGCTGATCTACGACACCAGCAAGCTGGC TAGCGGCGTGCCAAGCAGATTCAGCGGCTCCGGCACCGACTTCACCCT GACCATCAGCAGCCTGCAGCCAGAGGACTTCGCTACCTATTACTGCCAGCAGTG GAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAGATCAAG	
377.	PSCA-1 LCDR1	인공	aa	SASSSVRFIH	
378.	PSCA-1 LCDR2	인공	aa	DTSKLAS	
379.	PSCA-1 LCDR3	인공	aa	QQWSSSPFT	
380.	PSCA-1 H	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFNIKDYYIHWVRQAPGKGLEWVAWIDPENG DTEFVPKFQGRATISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCKTGGFWGQGTLVTVS S	
381.	PSCA-1 H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGCGGAGGACTGGTGCAGCCAGGCGGCTCCCT GAGACTGAGCTGCGCCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACTG	

[1351]

				GGTCCGGCAGGCTCCAGGCAAGGGACTGGAATGGGTGGCCTGGATCGACCCAG
				AGAACGGCGACACCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAGAGCCACCATCAGCG
				CCGACACCTCCAAGAACACCGCCTACCTGCAGATGAACAGCCTGAGGGCCGAGG
				ACACCGCCGTGTACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTGG
				TCACCGTGTCCTCC
382.	PSCA-1 HCDR1	인공	aa	DYYIH
383.	PSCA-1 HCDR2	인공	aa	WIDPENGDTEFVPKFQG
384.	PSCA-1 HCDR3	인공	aa	GGF
385.	PSCA-1 HL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFNIKDYYIHWVRQAPGKGLEWVAWIDPENG DTEFVPKFQGRATISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCKTGGFWGQGTLVTVS SGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCSASSSVRFIHWYQQKPGK APKRLIYDTSKLASGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQWSSSPFTFG QGTKVEIK
386.	PSCA-1 HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGCGGAGGACTGGTGCAGCCAGGCGGCTCCCT GAGACTGAGCTGCGCCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACTG GGTCCGGCAGGCTCCAGGCAAGGGACTGGAATGGGTGGCCTGGATCGACCCAG AGAACGGCGACACCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAGAGCCACCATCAGCG CCGACACCTCCAAGAACACCGCCTACCTGCAGATGAACAGCCTGAGGGCCGAGG ACACCGCCGTGTACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTGG TCACCGTGTCCTCCGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT GGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGAGCCCATCCAGCCTGTCTGCTAGCGTGGGC GACAGAGTGACCATCACCTGCAGCGCCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGG TATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGAGGCTGATCTACGACACCAGCAAG CTGGCTAGCGGCGTGCCAAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTCCGGCACCGACTTC ACCCTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCAGAGGACTTCGCTACCTATTACTGCCAG CAGTGGAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAGATCAAG
387.	PSCA-1 LH	인공	aa	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCSASSSVRFIHWYQQKPGKAPKRLIYDTSKLASGVP SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQWSSSPFTFGQGTKVEIKGGGSGGG SGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFNIKDYYIHWVRQAPGKGLEWVAW IDPENGDTEFVPKFQGRATISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCKTGGFWGQG TLVTVSS
388.	PSCA-1 LH	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGAGCCCATCCAGCCTGTCTGCTAGCGTGGGCGACAGA

[1352]

				GTGACCATCACCTGCAGCGCCAGCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGGTATCA
				GCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCCAAGAGGCTGATCTACGACACCAGCAAGCTGGC
				TAGCGGCGTGCCAAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTCCGGCACCGACTTCACCCT
				GACCATCAGCAGCCTGCAGCCAGAGGACTTCGCTACCTATTACTGCCAGCAGTG
				GAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAGATCAAGGGTG
				GTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGGTGCAGCTG
				GTCGAGTCTGGCGGAGGACTGGTTGCAGCCAGGCGGCTCCCTGAGACTGAGCTG
				CGCCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACTGGGTCCGGCAGGC
				TCCAGGCAAGGGACTGGAATGGGTGGCCTGGATCGACCCAGAGAACGGCGACA
				CCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAGAGCCACCATCAGCGCCGACACCTCCA
				AGAACACCGCCTACCTGCAGATGAACAGCCTGAGGGCCGAGGACACCGCCGTGT
				ACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTGGTCACCGTGTCC
				TCC
389.	PSCA-1 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFNIKDYYIHWVRQAPGKGLEWVAWIDPENG
				DTEFVPKFQGRATISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCKTGGFWGQGTLVTVS
				SGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCSASSSVRFIHWYQQKPGK
				APKRLIYDTSKLASGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQWSSSPFTFG
				QGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAP
				GKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY
				YCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLT
				VSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSG
				SLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
390.	PSCA-1 HL x I2C HL	인공	nt	GAGGTTGCAGCTGGTCGAGTCTGGCGGAGGACTGGTTGCAGCCAGGCGGCTCCCT
				GAGACTGAGCTGCGCCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACTG
				GGTCCGGCAGGCTCCAGGCAAGGGACTGGAATGGGTGGCCTGGATCGACCCAG
				AGAACGGCGACACCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAGAGCCACCATCAGCG
				CCGACACCTCCAAGAACACCGCCTACCTGCAGATGAACAGCCTGAGGGCCGAGG
				ACACCGCCGTGTACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTGG
				TCACCGTGTCCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGAGCCCATCCAGCCTGTCTGCTAGCGTGGGC
				GACAGAGTGACCATCACCTGCAGCGCCAGCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGG
				TATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGAGGCTGATCTACGACACCAGCAAG

[1353]

			CTGGCTAGCGGCGTGCCAAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTCCGGCACCGACTTC
			ACCCTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCAGAGGACTTCGCTACCTATTACTGCCAG
			CAGTGGAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAGATCAAG
			TCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGT
			GCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCA
			ATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
			GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTC
			AGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATC
			TACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGA
			CATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGG
			GACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCG
			GTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCA
			CCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATC
			TGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCT
			AATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCT
			CCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATG
			AGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGA
			GGAACCAAACTGACTGTCCTA
391.	PSCA-1 LH x I2C HL	인공	DIQLTQSPSSLSASVGDRVTITCSASSSVRFIHWYQQKPGKAPKRLIYDTSKLASGVP
			SRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQWSSSPFTFGQGTKVEIKGGGGSGGGG
			SGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFNIKDYYIHWVRQAPGKGLEWVAW
			IDPENGDTEFVPKFQGRATISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCKTGGFWGQG
			TLVTVSSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGK
			GLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYC
			VRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQIVVTQEPSLTVS
			PGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
			GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
392.	PSCA-1 LH x I2C HL	인공	GACATCCAGCTGACCCAGAGCCCATCCAGCCTGTCTGCTAGCGTGGGCGACAGA
			GTGACCATCACCTGCAGCGCCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGGTATCA
			GCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGAGGCTGATCTACGACACCAGCAAGCTGGC
			TAGCGGCGTGCCCAAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTCCGGCACCGACTTCACCCT
			GACCATCAGCAGCCTGCAGCCAGAGGACTTCGCTACCTATTACTGCCAGCAGTG

[1354]

				GAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCCAGGGCACCAAGGTGGAGATCAAGGGTG
				GTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGGTGCAGCTG
				GTCGAGTCTGGCGGAGGACTGGTGCAGCCAGGCGGCTCCCTGAGACTGAGCTG
				CGCCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACTGGGTCCGGCAGGC
				TCCAGGCAAGGGACTGGAATGGGTGGCCTGGATCGACCCAGAGAACGGCGACA
				CCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAGAGCCACCATCAGCGCCGACACCTCCA
				AGAACACCGCCTACCTGCAGATGAACAGCCTGAGGGCCGAGGACACCGCCGTGT
				ACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTGGTCACCGTGTCC
				TCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGT
				GCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCA
				ATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTC
				AGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATC
				TACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGA
				CATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGG
				GACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCG
				GTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCA
				CCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATC
				TGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCT
				AATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCT
				CCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATG
				AGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGA
				GGAACCAAACTGACTGTCCTA
393.	PSCA-2 VL	인공	aa	DIVMTQAAPSVPVTPGESVSISCRSSKSLLHSNGNTYLYWFLQRPGQSPQLLIYRMS
394.	PSCA-2 VL	인공	nt	NLASGVPDRFSGSGSGTAFTLRISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGGGTKLELK
				GACATCGTGATGACCCAGGCCGCTCCAAGCGTGCCAGTGACCCCAGGCGAGAGC
				GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAACACC
				TACCTGTACTGGTTTCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGCTGATCTA
				CAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGCGGCAGCGGCT
				CTGGAACCGCCTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGGAGGCCGAGGACGTGGGC
				GTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACACCTTCGGCGGAGGACC
				AAGCTGGAACTGAAG

[1355]

395.	PSCA-2 LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
396.	PSCA-2 LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
397.	PSCA-2 LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
398.	PSCA-2 H	인공	aa	QVQVQQPGAELVKPGAPVKLSCKASGYTFTNYWLNWVKQRPGRGLEWIGRIDPSD SEIHYDQKFKDKATLTVDKSSSTAYIQLSSLTSEDSAVYYCALTGIYAMAYWGQGTS VTVSS
399.	PSCA-2 H	인공	nt	CAGGTGCAGGTGCAGCAGCCAGGCGCCGAACTGGTCAAGCCTGGCGCCCCAGTG AAGCTGTCCTGCAAGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGCTGAACTGG GTGAAACAGAGGCCCGGCCAGGGGCCTGGAATGGATCGGCAGGATCGACCCCAG CGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAAGGCCACCCTGACCGT GGACAAGAGCAGCAGCACCGCCTACATCCAGCTGTCCAGCCTGACCAGCGAGGA CAGCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGCATCTACGCCATGGCCTACTGGGG CCAGGGCACCACGCGTGACCGTGTCTTCC
	PSCA-2 HCDR1	인공	aa	NYWLN
401.	PSCA-2 HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
402.	PSCA-2 HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
403.	PSCA-2 LH	인공	aa	DIVMTQAAPSVPVTPGESVSISCRSSKSLLHSNGNTYLYWFLQRPGQSPQLLIYRMS NLASGVPDRFSGSGSGTAFTLRISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGGGTKLELKG GGGSGGGGSGGGGSQVQLVKPGAPVKLSCKASGYTFTNYWLNWVKQR PGRGLEWIGRIDPSDSEIHYDQKFKDKATLTVDKSSSTAYIQLSSLTSEDSAVYYCAL TGIYAMAYWGQGTSVTVSS
404.	PSCA-2 LH	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGGCCGCTCCAAGCGTGCCAGTGACCCCAGGCGAGAGC GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAACACC TACCTGTACTGGTTTCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGCTGATCTA CAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGCGGCAGCGGCT CTGGAACCGCCTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGGAGGCCGAGGACGTGGGC GTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACACCTTCGGCGGAGGGACC AAGCTGGAACTGAAGGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG TGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGGCGGCGAACTGGTCAAGCCTGGCG CCCCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC TGAACTGGGTGAAACAGAGGCCCGGCAGGGGCCTGGAATGGATCGGCAGGATC GACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAAGGCCACC

[1356]

[1357]

				CTGACCGTGGACAAGAGCAGCAGCACCGCCTACATCCAGCTGTCCAGCCTGACC
				AGCGAGGACAGCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGCATCTACGCCATGGCC
				TACTGGGGCCAGGGCACCACGCGTGACCGTGTCTTCC
405.	PSCA-2 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQAAPSVPVTPGESVSISCRSSKSLLHSNGNTYLYWFLQRPGQSPQLLIYRMS
				NLASGVPDRFSGSGSGTAFTLRISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGGGTKLELKG
				GGGSGGGGSGGGGSQVQVQQPGAELVKPGAPVKLSCKASGYTFTNYWLNWVKQR
				PGRGLEWIGRIDPSDSEIHYDQKFKDKATLTVDKSSSTAYIQLSSLTSEDSAVYYCAL
				TGIYAMAYWGQGTSVTVSSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNK
				YAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMN
				NLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQ
				TVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFL
				APGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
406.	PSCA-2 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGGCCGCTCCAAGCGTGCCAGTGACCCCAGGCGAGAGC
				GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAACACC
				TACCTGTACTGGTTTCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGCTGATCTA
				CAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGCGGCAGCGGCT
				CTGGAACCGCCTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGGAGGCCGAGGACGTGGGC
				GTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACACCTTCGGCGGAGGGACC
				AAGCTGGAACTGAAGGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGGTGCAGGTGCAGCAGGCGCCGAACTGGTCAAGCCTGGCG
				CCCCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGAGGCCCGGCAGGGGCCTGGAATGGATCGGCAGGATC
				GACCCCAGGGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAAGGCCACC
				CTGACCGTGGACAAGAGCAGCACCGCCTACATCCAGCTGTCCAGCCTGACC
				AGCGAGGACAGCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGCATCTACGCCATGGCC
				TACTGGGGCCAGGGCACCACGCGTGACCGTGTCTTCCGGAGGTGGTGGATCCGA
				GGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGA
				AACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGG
				GTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAA
				ATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCA
				TCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAA
				ACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAG

[1358]

				CTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCT CAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACT GTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACT CACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGG TCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTC CTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCT GCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGT TCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCC TA
407.	PSCA-3 VL	인공	aa	DVVMTQTPLTLSVTIGQPASISCKSSQSLLDSDGKTYLNWLLQRPGQSPKRLIYLVS
408.	PSCA-3 VL	인공	nt	TLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQGTHFPRTFGGGTKLEIK GACGTGGTCATGACCCAGACCCCCCTGAGCCTGAGCGTGACCATCGGCCAGCCA GCCAGCATCTCTTGCAAGTCCAGCCAGTCCCTGCTGGACAGCGACGGCAAGACC TACCTGAACTGGCTGCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCCAAGAGGCTGATCTA CCTGGTGTCCACCCTGGACAGCGGCGTGCCAGACAGATTCACCGGCAGCGGCTC CGGCACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGCCGAGGACCTGGGCG TGTACTACTGCTGGCAGGGCACCCACTTCCCAAGGACCTTCGGCGGAGGGACCA AGCTGGAAATCAAG
409.	PSCA-3 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLDSDGKTYLN
410.	PSCA-3 LCDR2	인공	aa	LVSTLDS
411.	PSCA-3 LCDR3	인공	aa	WQGTHFPRT
412.	PSCA-3 H	인공	aa	EVQLQQSGPDLEKPGASVKISCKPSGNSFTGYYIHWVKQSHGKSLEWIGRVDPNNG FTSYNQKFKGKAILTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCVGNFFDSWGQGTTLTV SS
413.	PSCA-3 H	인공	nt	GAAGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGCCCAGACCTGGAAAAGCCAGGCGCCAGCGTG AAGATTTCCTGCAAGCCCAGCGGCAACAGCTTCACCGGCTACTACATCCACTGG GTGAAACAGTCCCACGGGAAGAGCCTGGAATGGATCGGCAGAGTGGACCCCAA CAACGGCTTCACCTCCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCATCCTGACCGT GGACAAGAGCAGCACCGCCTACATGGAACTGAGAAGCCTGACCAGCGAGG ACAGCGCCGTGTACTATTGCGTGGGCAACTTCTTCGACAGCTGGGGCCAGGGA ACCACACTGACCGTGTCCTCC
414.	PSCA-3 HCDR1	인공	aa	GYYIH

415.	PSCA-3 HCDR2	인공	aa	RVDPNNGFTSYNQKFKG
416.	PSCA-3 HCDR3	인공	aa	NFFDS
417.	PSCA-3 HL	인공	aa	EVQLQQSGPDLEKPGASVKISCKPSGNSFTGYYIHWVKQSHGKSLEWIGRVDPNNG FTSYNQKFKGKAILTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCVGNFFDSWGQGTTLTV SSGGGGSGGGGSGGGSDVVMTQTPLTLSVTIGQPASISCKSSQSLLDSDGKTYLN WLLQRPGQSPKRLIYLVSTLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQG THFPRTFGGGTKLEIK
			nt	GAAGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGCCCAGACCTGGAAAAGCCAGGCGCCAGCGTG AAGATTTCCTGCAAGCCCAGCGGCAACAGCTTCACCGGCTACTACATCCACTGG GTGAAACAGTCCCACGGGAAGAGCCTGGAATGGATCGGCAGAGTGGACCCCAA CAACGGCTTCACCTCCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCATCCTGACCGT GGACAAGAGCAGCACAGCACCGCCTACATGGAACTGAGAAGCCTGACCAGCGAGG ACAGCGCCGTGTACTATTGCGTGGGCAACTTCTTCGACAGCTGGGGCCAGGGA ACCACACTGACCGTGTCCTCCGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGG TGGTGGTGGTTCTGACGTGGTCATGACCCAGACCCCCCTGAGCCTGAGCGTGA CCATCGGCCAGCCAGCCAGCATCTCTTGCAAGTCCAGCCAGTCCCTGCTGGACA GCGACGGCAAGACCTACCTGAACTGGCTGCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCA AGAGGCTGATCTACCTGGTGTCCACCCTGGACAGCGGCGTGCCAGACAGATTC ACCGGCAGCGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGCC GAGGACCTGGGCGTGTACTACTGCTGGCAGGGCACCCACTTCCCAAGGACCTT CGGCGGAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
418.	PSCA-3 HL	인공	aa	DVVMTQTPLTLSVTIGQPASISCKSSQSLLDSDGKTYLNWLLQRPGQSPKRLIYLVS TLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQGTHFPRTFGGGTKLEIKG GGGSGGGGSGGGSEVQLQQSGPDLEKPGASVKISCKPSGNSFTGYYIHWVKQSHG KSLEWIGRVDPNNGFTSYNQKFKGKAILTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCVG NFFDSWGQGTTLTVSS
			nt	GACGTGGTCATGACCCAGACCCCCCTGAGCCTGAGCGTGACCATCGGCCAGCCA GCCAGCATCTCTTGCAAGTCCAGCCAGTCCCTGCTGGACAGCGACGGCAAGACC TACCTGAACTGGCTGCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCCAAGAGGCTGATCTA CCTGGTGTCCACCCTGGACAGCGGCGTGCCAGACAGATTCACCGGCAGCGGCTC CGGCACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGCCGAGGACCTGGGCG TGTACTACTGCTGGCAGGGCACCCACTTCCCAAGGACCTTCGGCGGAGGGACCA
419.	PSCA-3 LH	인공	aa	
			nt	
420.	PSCA-3 LH	인공	aa	
			nt	

[1359]

				AGCTGGAAATCAAGGGTGGTGGTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAAGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGCCCAGACCTGGAAAAGCCAGGCGC
				CAGCGTGAAGATTTCCTGCAAGCCCAGCGGCAACAGCTTCACCGGCTACTACAT
				CCACTGGGTGAAACAGTCCCACGGGAAGAGCCTGGAATGGATCGGCAGAGTGG
				ACCCCAACAACGGCTTCACCTCCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCATCC
				TGACCGTGGACAAGAGCAGCAGCACCGCCTACATGGAACTGAGAAGCCTGACC
				AGCGAGGACAGCGCCGTGTACTATTGCGTGGGCAACTTCTTCGACAGCTGGGG
				CCAGGGAACCACACTGACCGTGTCCTCC
421.	PSCA-3 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLQQSGPDLEKPGASVKISCKPSGNSFTGYYIHWVKQSHGKSLEWIGRVDPNNG
				FTSYNQKFKGKAILTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCVGNFFDSWGQGTTLTV
				SSGGGGSGGGGSGGGSGSDVVMTQTPLTLSVTIGQPASISCKSSQSLLDSDGKTYLN
				WLLQRPGQSPKRLIYLVSTLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQG
				THFPRTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAM
				NWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLK
				TEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGSQTV
				VTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAP
				GTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
422.	PSCA-3 HL x I2C HL	인공	nt	GAAGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGCCCAGACCTGGAAAAGCCAGGCGCCAGCGTG
				AAGATTTCCTGCAAGCCCAGCGGCAACAGCTTCACCGGCTACTACATCCACTGG
				GTGAAACAGTCCCACGGGAAGAGCCTGGAATGGATCGGCAGAGTGGACCCCAA
				CAACGGCTTCACCTCCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCATCCTGACCGT
				GGACAAGAGCAGCAGCACCGCCTACATGGAACTGAGAAGCCTGACCAGCGAGG
				ACAGCGCCGTGTACTATTGCGTGGGCAACTTCTTCGACAGCTGGGGCCAGGGA
				ACCACACTGACCGTGTCCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGG
				TGGTGGTGGTTCTGACGTGGTCATGACCCAGACCCCCCCTGACCCTGAGCGTGA
				CCATCGGCCAGCCAGCCAGCATCTCTTGCAAGTCCAGCCAGTCCCTGCTGGACA
				GCGACGGCAAGACCTACCTGAACTGGCTGCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCA
				AGAGGCTGATCTACCTGGTGTCCACCCTGGACAGCGGCGTGCCAGACAGATTC
				ACCGGCAGCGGCTCCGGCACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGCC
				GAGGACCTGGGCGTGTACTACTGCTGGCAGGGCACCCACTTCCCAAGGACCTT
				CGGCGGAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGC
				AGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTC

[1360]

				TCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCG
				CCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATA
				ATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCC
				AGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGA
				GGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGT
				GGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGT
				GACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTT
				GTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAA
				CAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGC
				CCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCT
				CACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTAT
				GGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
423.	PSCA-3 LH x I2C HL	인공	aa	DVVMTQTPLTLSVTIGQPASISCKSSQSLLDSDGKTYLNWLLQRPGQSPKRLIYLVS
				TLDSGVPDRFTGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCWQGTHFPRTFGGGTKLEIKG
				GGGSGGGGSGGGGSEVQLQQSGPDLEKPGASVKISCKPSGNSFTGYYIHWVKQSHG
				KSLEWIGRVDPNNGFTSYNQKFKGKAILTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCVG
				NFFDSWGQGTTLTVSSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAM
				NWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLK
				TEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTV
				VTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAP
				GTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
424.	PSCA-3 LH x I2C HL	인공	nt	GACGTGGTCATGACCCAGACCCCCCTGACCCTGAGCGTGACCATCGGCCAGCCA
				GCCAGCATCTCTTGCAAGTCCAGCCAGTCCCTGCTGGACAGCGACGGCAAGACC
				TACCTGAACTGGCTGCTGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCCAAGAGGCTGATCTA
				CCTGGTGTCCACCCTGGACAGCGGCGTGCCAGACAGATTCACCGGCAGCGGCTC
				CGGCACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGCCGAGGACCTGGGCG
				TGTACTACTGCTGGCAGGGCACCCACTTCCCAAGGACCTTCGGCGGCAGGGACCA
				AGCTGGAAATCAAGGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGT
				GGTTCTGAAGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGCCCAGACCTGGAAAAGCCAGGCGC
				CAGCGTGAAGATTTCCTGCAAGCCCAGCGGCAACAGCTTCACCGGCTACTACAT
				CCACTGGGTGAAACAGTCCCACGGGAAGAGCCTTGGAATGGATCGGCAGAGTGG

[1361]

				ACCCCAACAAGGCTTCACCTCCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCAAGGCCATCC
				TGACCGTGGACAAGAGCAGCAGCACCGCCTACATGGAACTGAGAAGCCTGACC
				AGCGAGGACAGCGCCGTGTACTATTGCGTGGGCAACTTCTTCGACAGCTGGGG
				CCAGGGAACCACACTGACCGTGTCCTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGC
				TGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCA
				TGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCA
				GGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATA
				ATTATATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGA
				GATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATAT
				CCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGT
				GGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGAC
				TCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTG
				GCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAA
				AAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				GGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACC
				CTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTA
425.	PSCA-4 VL	인공	aa	CAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				QVVLTQSPAIMSASPGEKVTMACSASSSVRFIHWYQQKSGTSPKRWIYDTSKLASG
426.	PSCA-4 VL	인공	nt	VPTRFSGSGSGTSYSLTISTMEAEDAATYYCQQWSSSPFTFGSGTKLIIK
				CAGGTGGTGCTGACCCAGAGCCCAGCCATCATGAGCGCCAGCCCAGGCGAGAAA
				GTGACCATGGCCTGCAGCGCCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGGTATCA
				GCAGAAGTCCGGCACCAGCCCCAAGAGATGGATCTACGACACCAGCAAGCTGGC
				TAGCGGCGTGCCAACCAGATTCAGCGGAAGCGGCTCCGGCACCTCCTACAGCCT
				GACCATCAGCACCATGGAAGCCGAGGACGCCGCCACCTACTACTGCCAGCAGTG
				GAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCAGCGGCACCAAGCTGATCATCAAG
427.	PSCA-4 LCDR1	인공	aa	SASSSVRFIH
428.	PSCA-4 LCDR2	인공	aa	DTSKLAS
429.	PSCA-4 LCDR3	인공	aa	QQWSSSPFT
430.	PSCA-4 H	인공	aa	EVQLQQSGAELVRSGASVKLSCTASGFNIKDYYIHWVNQRPDQGLEWIGWIDPENG DTEFVPKFQGKATMTADIFSNTAYLHLSSLTSEDTAVYYCKTGGFWGQGTLVTVS S

[1362]

431.	PSCA-4 H	인공	nt	GAAGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGAGCCGAGCTGGTCAGATCTGGAGCCAGCGT
				GAAGCTGTCTTGCACCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACT
				GGGTGAACCAGAGGCCCGACCAGGGCCTGGAATGGATCGGCTGGATCGACCCC
				GAGAACGGCGACACCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAAGGCCACCATGACC
				GCCGACATCTTCAGCAACACCGCCTACCTGCACCTGAGCAGCCTGACCTCTGAG
				GACACCGCCGTGTACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTG
				GTCACCGTGTCCTCC
432.	PSCA-4 HCDR1	인공	aa	DYYIH
433.	PSCA-4 HCDR2	인공	aa	WIDPENGDTEFVPKFQG
434.	PSCA-4 HCDR3	인공	aa	GGF
435.	PSCA-4 HL	인공	aa	EVQLQQSGAELVRSGASVKLSCTASGFNIKDYYIHWVNQRPDQGLEWIGWIDPENG
				DTEFVPKFQGKATMTADIFSNTAYLHLSSLTSEDTAVYYCKTGGFWGQGTLVTVS
				SGGGGSGGGGSGGGGSQVVLTQSPAIMSASPGEKVTMACSASSSVRFIHWYQQKSG
				TSPKRWIYDTSKLASGVPTRFSGSGSGTSYSLTISTMEAEDAATYYCQQWSSSPFTF
				GSGTKLIIK
436.	PSCA-4 HL	인공	nt	GAAGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGAGCCGAGCTGGTCAGATCTGGAGCCAGCGT
				GAAGCTGTCTTGCACCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACT
				GGGTGAACCAGAGGCCCGACCAGGGCCTGGAATGGATCGGCTGGATCGACCCC
				GAGAACGGCGACACCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAAGGCCACCATGACC
				GCCGACATCTTCAGCAACACCGCCTACCTGCACCTGAGCAGCCTGACCTCTGAG
				GACACCGCCGTGTACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTG
				GTCACCGTGTCCTCCGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGGTGGTGCTGACCCAGAGCCCAGCCATCATGAGCGCCAGCCCAGG
				CGAGAAAGTGACCATGGCCTGCAGCGCCAGCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACT
				GGTATCAGCAGAAGTCCGGCACCAGCCCCAAGAGATGGATCTACGACACCAGCA
				AGCTGGCTAGCGGCGTGCCAACCAGATTCAGCGGAAGCGGCTCCGGCACCTCCT
				ACAGCCTGACCATCAGCACCATGGAAGCCGAGGACGCCGCCACCTACTACTGCC
				AGCAGTGGAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCAGCGGCACCAAGCTGATCATCA
				AG
437.	PSCA-4 LH	인공	aa	QVVLTQSPAIMSASPGEKVTMACSASSSVRFIHWYQQKSGTSPKRWIYDTSKLASG
				VPTRFSGSGSGTSYSLTISTMEAEDAATYYCQQWSSSPFTFGSGTKLIIKGGGSGG
				GGSGGGGSEVQLQQSGAELVRSGASVKLSCTASGFNIKDYYIHWVNQRPDQGLEWI

[1363]

				GWIDPENGDTEFVPKFQGKATMTADIFSNTAYLHLSSLTSEDTAVYYCKTGGFWG
				QGTLVTVSS
438.	PSCA-4 LH	인공	nt	CAGGTGGTGCTGACCCAGAGCCCAGCCATCATGAGCGCCAGCCCAGGCGAGAAA
				GTGACCATGGCCTGCAGCGCCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGGTATCA
				GCAGAAGTCCGGCACCAGCCCCAAGAGATGGATCTACGACACCAGCAAGCTGGC
				TAGCGGCGTGCCAACCAGATTCAGCGGAAGCGGCTCCGGCACCTCCTACAGCCT
				GACCATCAGCACCATGGAAGCCGAGGACGCCGCCACCTACTACTGCCAGCAGTG
				GAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCAGCGGCACCAAGCTGATCATCAAGGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAAGTGCAGCTGC
				AGCAGTCTGGAGCCGAGCTGGTCAGATCTGGAGCCAGCGTGAAGCTGTCTTGC
				ACCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACTGGGTGAACCAGAGG
				CCCGACCAGGGCCTGGAATGGATCGGCTGGATCGACCCCGAGAACGGCGACACC
				GAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAAGGCCACCATGACCGCCGACACATCTTCAGC
				AACACCGCCTACCTGCACCTGAGCAGCCTGACCTCTGAGGACACCGCCGTGTAC
				TACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTGGTCACCGTGTCCTCC
439.	PSCA-4 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLQQSGAELVRSGASVKLSCTASGFNIKDYYIHWVNQRPDQGLEWIGWIDPENG
				DTEFVPKFQGKATMTADIFSNTAYLHLSSLTSEDTAVYYCKTGGFWGQGTLVTVS
				SGGGGSGGGGSGGGGSQVVLTQSPAIMSASPGEKVTMACSASSSVRFIHWYQQKSG
				TSPKRWIYDTSKLASGVPTRFSGSGSGTSYSLTISTMEAEDAATYYCQQWSSSPFTF
				GSGTKLIIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAP
				GKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY
				YCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLT
				VSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSG
				SLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
440.	PSCA-4 HL x I2C HL	인공	nt	GAAGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGAGCCGAGCTGGTCAGATCTGGAGCCAGCGT
				GAAGCTGTCTTGCACCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACT
				GGGTGAACCAGAGGCCCGACCAGGGCCTGGAATGGATCGGCTGGATCGACCCC
				GAGAACGGCGACACCGAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAAGGCCACCATGACC
				GCCGACATCTTCAGCAACACCGCCTACCTGCACCTGAGCAGCCTGACCTCTGAG
				GACACCGCCGTGTACTACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTG
				GTCACCGTGTCCTCCGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGG
				TGGTTCTCAGGTGGTGCTGACCCAGAGCCCAGCCATCATGAGCGCCAGCCCAGG

[1364]

				CGAGAAAGTGACCATGGCCTGCAGCGCCAGCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACT
				GGTATCAGCAGAAGTCCGGCACCAGCCCCAAGAGATGGATCTACGACACCAGCA
				AGCTGGCTAGCGGCGTGCCAACCAGATTCAGCGGAAGCGGCTCCGGCACCTCCT
				ACAGCCTGACCATCAGCACCATGGAAGCCGAGGACGCCGCCACCTACTACTGCC
				AGCAGTGGAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCAGCGGCACCAAGCTGATCATCA
				AGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTG
				GTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTT
				CAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAAT
				GGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGAT
				TCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTA
				TCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGA
				GACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAA
				GGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTC
				CGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTAT
				CACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACA
				TCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAAGCAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGT
				CTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGG
				CTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGA
				TGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTG
				GAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
441.	PSCA-4 LH x I2C HL	인공	aa	QVVLTQSPAIMSASPGEKVTMACSASSSVRFIHWYQQKSGTSPKRWIYDTSKLASG
				VPTRFSGSGSGTSYSLTISTMEAEDAATYYCQQWSSSPFTFGSGTKLIIKGGGGSGG
				GGSGGGGSEVQLQQSGAELVRSGASVKLSCTASGFNIKDYYIHWVNQRPDQGLEWI
				GWIDPENGDTEFVPKFQGKATMTADIFSNTAYLHLSSLTSEDTAVYYCKTGGFWG
				QGTLVTVSSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAP
				GKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVY
				YCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLT
				VSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSG
				SLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
442.	PSCA-4 LH x I2C HL		nt	CAGGTGGTGCTGACCCAGAGCCCAGCCATCATGAGCGCCAGCCCAGGCGAGAAA
				GTGACCATGGCCTGCAGCGCCAGCAGCGTGCGGTTCATCCACTGGTATCA
				GCAGAAGTCCGGCACCAGCCCCAAGAGATGGATCTACGACACCAGCAAGCTGGC

[1365]

				TAGCGGCGTGCCAACCAGATTCAGCGGAAGCGGCTCCGGCACCTCCTACAGCCT
				GACCATCAGCACCATGGAAGCCGAGGACGCCGCCACCTACTACTGCCAGCAGTG
				GAGCAGCAGCCCCTTCACCTTCGGCAGCGGCACCAAGCTGATCATCAAGGGTGG
				TGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAAGTGCAGCTGC
				AGCAGTCTGGAGCCGAGCTGGTCAGATCTGGAGCCAGCGTGAAGCTGTCTTGC
				ACCGCCAGCGGCTTCAACATCAAGGACTACTACATCCACTGGGTGAACCAGAGG
				CCCGACCAGGGCCTGGAATGGATCGGCTGGATCGACCCCGAGAACGGCGACACC
				GAGTTCGTGCCCAAGTTCCAGGGCAAGGCCACCATGACCGCCGACACATCTTCAGC
				AACACCGCCTACCTGCACCTGAGCAGCCTGACCTCTGAGGACACCGCCGTGTAC
				TACTGCAAGACCGGCGGCTTCTGGGGACAGGGCACCCTGGTCACCGTGTCCTCC
				GGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCA
				GCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTT
				GCTCGCATAAGAAGTAAATATAATTATGCAAACATATTATGCCGATTCAGT
				GAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTAC
				AAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACAT
				GGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGAC
				TCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCT
				GGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGG
				CAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAAT
				AGGTGGGACTAAGTTCCTGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCT
				GCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGG
				CAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGA
				ACCAAACTGACTGTCCTA
443.	PSCA	인간	aa	MGWSCIILFLVATATGVHSDYKDDDDKLLCYSCKAQVSNEDCLQVENCTQLGEQC
				WTARIRAVGLLTVISKGCSLNCVDDSQDYYVGKKNITCCDTDLCNASGAHALQPAA
				AILALLPALGLLLWGPGQL
444.	PSCA	인간	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA
				CTCCGATTACAAGGACGACGATGACAAGCTGCTGTGCTACTCCTGCAAAGCCC
				AGGTGAGCAACGAGGACTGCCTGCAGGTGGAGAACTGCACCCAGCTGGGGGAG
				CAGTGCTGGACCGCGCGCATCCGGCAGTTGGCCTCCTGACCGTCATCAGCAAA

[1366]

					GCAGCCGGCTGCTGCCATCCTTGCGGCTGCTCCCTGCACTCGGCCTGCTGCTCTG
					GGGACCCGGCCAGCTCTAG
445.	PSCA	짧은꼬리원숭이(시아노몰구스)	aa		MGWSCIILFLVATATGVHSDYKDDDDKLLCYSCKAQVSNEDCLNVENCTQPEEQC WTERIRAVGLLTVISKGCSSNCVDDSQDYYVGKKNITCCDTDLCNASGAHALQPAA AILALLPALSLLLWGPRQL
446.	PSCA	짧은꼬리원숭이(시아노몰구스)	nt		ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGTACA CTCCGATTACAAGGACGACGATGACAAGCTGCTGTGCTACTCCTGCAAGGCCC AGGTGAGCAACGAGGACTGCCTGAATGTGGAGAACTGCACGGCAGCCGGAGGAG CAGTGCTGGACCGAGCGCATCCGGCGCCGTGGGCCTCCTGACCGTCATCAGCAAA GGCTGCAGCTCAAACTGCGTGGATGACTCACAGGACTACTACGTGGGCAAGAA GAACATCACCTGCTGTGACACCGACCTGTGCAACGGCAGCGGGGGCCCATGCACT GCAGCCGGCTGCTGCCATCCTGGCACTGCTCCCTGCACTCAGCCTGCTGCTTTG GGGCCCCAGACAGCTGTAG
447.	전방향 프라이머	인공	nt		CACCACAGCCCACCAGTGACC
448.	역방향 프라이머	인공	nt		GAGGCCTGGGGCACCACACCC
449.	P3-VH-A-XhoI	인공	nt		CCTGATCTCGAGACGCGCSCAGASSTGRAAAAGCCAGGCGCCACGGTGAAGATT
450.	P3-VH-B	인공	nt		GGCGCCACGGTGAAGATTTCCTGCAAGSYCAGCGGCGWACACGTTCACCGGCTA
451.	P3-VH-C	인공	nt		CTACATCCACTGGGTG GTAGGAGGTGAAGCCGTTGTTGGGGTCCACTCTGCCSATCCATTCCAGGCYCT TCCCGKGGGMCTGTTKCACCCAGTGGATGTAGTA
452.	P3-VH-D	인공	nt		AACGGCTTCACCTCCTACAACCAGAAGTTCAAGGCARGGYCAYAMTKACCGYG GACAMGAGCACCRRCACCGCCTACATGGAACTG
453.	P3-VH-E	인공	nt		GCTGTCGAAGAAGTTGCCCRCGGCAATAGTACACGGCGGTGTCCTCGCTGSKCAG GCTKCTCAGTTCCATGTAGGCGGT
454.	P3-VH-F-BstEII	인공	nt		CACGTCGGTGACCGTGGTTCCCTGGCCCCAGCTGTCGAAGAAGTTGCC
455.	PSCA2VH-A-XHO1	인공	nt		CAGGTGCTCGAGYCAGGCGCCGAASTGRWGAAGCCTGGCGCCMCAGTGAAGMT ATCCTGCAAGGYCAGCGGCTACACCTTCACCAAC
456.	PSCA2VH-B	인공	nt		GCTGTCGCTGGGGTCGATCCTGCCYATCCATTCCAGGCCCYTGCCGGGCSYCTG TTKCACCCAGTTCAGCCAGTAGTTGGTGAAGGTGTAGCC
457.	PSCA2VH-C	인공	nt		AGGATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACARA GYCACCMTAACCGYGGACAMGAGCACCRRCACCGCCTAC

[1367]

458.	PSCA2VH-D	인공	nt	GGCCAGGGGCGCAATAGTACACGGCGGTGTCCTCGCTTSTCAGGCTGGACAGCTS
459.	PSCA2VH-E-BSTB2	인공	nt	AGACACGGTGACCGTGGTGCCCTGGCCCCAGTAGGCCATGGCGTAGATGCCGG
460.	P3-VL-A-SacI	인공	nt	TCAGGGGCGCAATAGTACAC CCTGTAGAGCTCGTCATGACCCAGTCCCCCCTGTCCCTGMSCGTGACCMTCGG CCAGCCAGCCAGCATC
461.	P3-VL-B	인공	nt	CCAGTTCAGGTAGGTCTTGCCGTCGCTGTCCAGCAGGGACTGGCTGGACTTGC AAGAGATGCTGGCTGGCTGGCC
462.	P3-VL-C	인공	nt	AAGACCTACCTGAACTGGYTSCWGCAGAGGCCAGGCCAGAGCCCCARGAGGCTG ATCTACCTGGTGTCCACCCTG
463.	P3-VL-D	인공	nt	GGTGAAGTCGGTGCCGGAGCCGCTGCCGGAGAATCTGTCTGGCACGCCGCTGT CCAGGGTGGACACCAGGTA
464.	P3-VL-E	인공	nt	TCCGGCACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGCCGAGGACSTGGGC GTGTACTACTGCTGGCAGGGCACC
465.	P3-VL-F-BsiWI/SpeI	인공	nt	CCAGACACTAGTCGTACGCTTGATTTCCAGCTTGGTCCCTCCGCCGAAGGTCC TTGGGAAGTGGGTGCCCTGCCAGCAGTA
466.	PSCA2VL-a-SAC1	인공	nt	CAGACAGAGCTCGTGATGACCCAGKCASCTCYAAGCSTGCCAGTGACCCCAGGC GAGYCAGYGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGC
467.	PSCA2VL-b	인공	nt	CTGGGGGCTCTGGCCTGGCYTCTGCAGAWACCAGTACAGGTAGGTGTTGCCGT TGCTGTGCAGCAGGCTCTTGCTGGACCTGCAGCTGATG
468.	PSCA2VL-c	인공	nt	CCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGCTGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGC GTGCCAGACAGATTCAGCGGCAGCGGCTCTGGAACC
469.	PSCA2VL-d	인공	nt	CAGGCAGTAGTACACGCCCACGTCCTCGGCCTCCACCCTGCTGATCYTCAGGGT GAAGKCGGTTCCAGAGCCGCTGCC
470.	PSCA2VL-e-BsiW1-Spe1	인공	nt	GTGCTGACTAGTCGTACGCTTGATTTCCAGCTTGGTCCCTTGGCCGAAGGTGT AGGGGTATTCCAGGTGCTGCAGGCAGTAGTACACGCC
471.	HD37 L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK

[1368]

472.	HD37 L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
473.	HD37 LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGDSYLN
474.	HD37 LCDR2	인공	aa	DASNLVS
475.	HD37 LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
476.	HD37 H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
477.	HD37 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
478.	HD37 HCDR1	인공	aa	SYWMN
479.	HD37 HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG

[1369]

480.	HD37 HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
481.	HD37 LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
482.	HD37 LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT

[1370]

[1371]

				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
483.	HD37 LH x H2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
				ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
				KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW
				MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS
				SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI
				SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL
				TCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK
				AALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
484.	HD37 LH x H2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG
				ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG

			GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
			TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC
			TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
			ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA
			ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT
			CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
			TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
			CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
			TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
			TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
			TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
			AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
			TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
			TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
			TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
			CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
			TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGT
			CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
			TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
			AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
			TTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
			AACTGACTGTCCTA
			DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
			ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
			KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW
			MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS
			SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE
			SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
			YATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSY
			VSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTV
485.	HD37 LH x F12Q HL	인공	aa

[1372]

				TLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLG GKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
486.	HD37 LH x F12Q HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGG TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA

[1373]

				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
487.	hCD19 26-D6 L	인공	aa	DIQMTQSPASLSASLGDRVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGIPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQQVDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIK
488.	hCD19 26-D6 L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGCGTCTCTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGC AGGTGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
489.	hCD19 26-D6 LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGDSYLN
490.	hCD19 26-D6 LCDR2	인공	aa	DASNLVS
491.	hCD19 26-D6 LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
492.	hCD19 26-D6 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYWMNWVKQGPGQGLEWMGQ IWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADASTSTVYMELSSLRSEDTAVYFCARRET TTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
493.	hCD19 26-D6 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGGTTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATACATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGGGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATGGGACAG

[1374]

				ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGTCACTATGACTGCTGACGCATCCACCAGCACAGTCTACATGGAACTCA GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
494.	hCD19 26-D6 HCDR1	인공	aa	SYWMN
495.	hCD19 26-D6 HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
496.	hCD19 26-D6 HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
497.	hCD19 26-D6 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPASLSASLGDRVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGIPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQQVDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSY WMNWVKQGPGQGLEWMGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADASTSTVYM ELSSLRSEDTAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
498.	hCD19 26-D6 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGCGTCTCTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGC AGGTGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG

[1375]

[1376]

				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATACATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGGCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATGGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGC ATCCACCAGCACAGTCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
			DIQMTQSPASLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTISSVQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIK	
				GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGTGTCTGTAGGGA
499.	hCD19 45-A10 L	인공	aa	nt
500.	hCD19 45-A10 L	인공	nt	

				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTGTGCAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
501.	hCD19 45-A10 LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGDSYLN
502.	hCD19 45-A10 LCDR2	인공	aa	DASNLVS
503.	hCD19 45-A10 LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
504.	hCD19 45-A10 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKISCKASGYSFTSYWMNWVKQAPGQGLEWMGQI WPGDGDTNYNGKFKGKATMTADPSTSTAYMELSSLGSEDTAVYYCARRETT TVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
505.	hCD19 45-A10 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGCTGAAGAAGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATTCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGGCCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATGGGACAG ATTTGGCCTGGAGAATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTATGACTGCTGACCCATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTGGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
506.	hCD19 45-A10 HCDR1	인공	aa	SYWMN

[1377]

507.	hCD19 45-A10 HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
508.	hCD19 45-A10 HCDR3	인공	aa	RETTVGRYYYAMDY
509.	hCD19 45-A10 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPASLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTISSVQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAELKKPGSSVKISCKASGYSFTSY WMNWVKQAPGQGLEWMGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATMTADPSTSTAYM ELSSLGSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
510.	hCD19 45-A10 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGTGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTGTGCAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGCTGAAGAAGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATTCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGGCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATGGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTATGACTGCTGACCC ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGGGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC

[1378]

				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGAGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
511.	hCD19 46-B11 L	인공	aa	DIQMTQSPASLSASVGERVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGKPPKLLIYD ASNLVSGIPSRFSGSGSGTDFTLTIHSLEQEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGTK VEIK
512.	hCD19 46-B11 L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA AAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATACCAGGAAAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGGAGC AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
513.	hCD19 46-B11 LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGDSYLN

[1379]

514.	hCD19 46-B11 LCDR2	인공	aa	DASNLVS
515.	hCD19 46-B11 LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
516.	hCD19 46-B11 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVRPGASVKVSCKASGYSFTSYWMNWVRQPPGQGLEWIGQI WPGDGDTNYNGKFKGRATMTADASTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARRETT TVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
517.	hCD19 46-B11 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAGGCCTGGGGCCTC AGTGAAGGTTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATTCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGCCCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGCCACTATGACTGCTGACGCATCCACCAGCACAGTCTACATGGAACTCA GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
518.	hCD19 46-B11 HCDR1	인공	aa	SYWMN
519.	hCD19 46-B11 HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
520.	hCD19 46-B11 HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
521.	hCD19 46-B11LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPASLSASVGERVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGKPPKLLIYD ASNLVSGIPSRFSGSGSGTDFTLTIHSLEQEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGTK VEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVRPGASVKVSCKASGYSFTSYW MNWVRQPPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRATMTADASTSTVYMELS SLRSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL

[1380]

[1381]

			TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
522.	hCD19 46-B11LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGA AAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATACCAGGAAAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGGAGC AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGGTGAGGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGTTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATTCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCCCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGCCACTATGACTGCTGACGC ATCCACCAGCACAGTCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA

				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
523.	hCD19 47-A3 L	인공	aa	DIQMTQSPASLSASVGERVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGKAPKLLIYD ASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQTEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIK
524.	hCD19 47-A3 L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGA CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
525.	hCD19 47-A3 LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGDSYLN
526.	hCD19 47-A3 LCDR2	인공	aa	DASNLVS
527.	hCD19 47-A3 LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
528.	hCD19 47-A3 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADASTSTVYMELSSLGSEDTAVYFCARRETTT VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
529.	hCD19 47-A3 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG

[1382]

				AGTCACTATGACTGCTGACGCATCCACCAGCACAGTCTACATGGAACTCA GCAGCCTGGGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
530.	hCD19 47-A3 HCDR1	인공	aa	SYWMN
531.	hCD19 47-A3 HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
532.	hCD19 47-A3 HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
533.	hCD19 47-A3 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPASLSASVGERVTITCKASQSVDYDGDSYLNWYQQIPGKAPKLLIYD ASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQTEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYAFTSY WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADASTSTVYME LSSLGSEDTAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
534.	hCD19 47-A3 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG ATAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGA CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG

[1383]

				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGC
				ATCCACCAGCACAGTCTACATGGAACTCAGCAGCCTGGGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
				DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGDTYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
				ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
				KLEIK
535.	HD37-DT L	인공	aa	
536.	HD37-DT L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG

[1384]

				ATACTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
537.	HD37-DT LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGDTYLN
538.	HD37-DT LCDR2	인공	aa	DASNLVS
539.	HD37-DT LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
540.	HD37-DT H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
541.	HD37-DT H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
542.	HD37-DT HCDR1	인공	aa	SYWMN
543.	HD37-DT HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
544.	HD37-DT HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY

[1385]

[1386]

545.	HD37-DT LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGDTYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
				ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
				KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW
				MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS
				SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI
				SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL
				TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK
				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
546.	HD37-DT LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG
				ATACTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG
				GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA
				ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT
				CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG

				TGTACTACTGTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
547.	HD37-A L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGASYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIIPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
548.	HD37-A L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG CTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTCGAGATCAAA
549.	HD37-A LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGASYLN
550.	HD37-A LCDR2	인공	aa	DASNLVS
551.	HD37-A LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
552.	HD37-A H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS

[1387]

553.	HD37-A H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
	HD37-A HCDR1	인공	aa	SYWMN
554.	HD37-A HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
555.	HD37-A HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
556.	HD37-A LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGASYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGSGGGGSGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
557.	HD37-A LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG CTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
558.	HD37-A LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG CTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA

[1388]

[1389]

				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
559.	HD37-G L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGGSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
560.	HD37-G L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA

				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG GTTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
561.	HD37-G LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGSYLN
562.	HD37-G LCDR2	인공	aa	DASNLVS
563.	HD37-G LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
564.	HD37-G H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
565.	HD37-G H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
566.	HD37-G HCDR1	인공	aa	SYWMN
567.	HD37-G HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
568.	HD37-G HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY

[1390]

569.	HD37-G LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGGSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
				ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
				KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW
				MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS
				SLASEDSAVYFCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI
				SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL
				TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK
				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
570.	HD37-G LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG
				GTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG
				GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC
				TGGACAGGGTCTTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA
				ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT
				CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG

[1391]

				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
571.	HD37-S L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGSSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
572.	HD37-S L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT CTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
573.	HD37-S LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGSSYLN
574.	HD37-S LCDR2	인공	aa	DASNLVS
575.	HD37-S LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
576.	HD37-S H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS

[1392]

577.	HD37-S H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGAATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
578.	HD37-S HCDR1	인공	aa	SYWMN
579.	HD37-S HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
580.	HD37-S HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
581.	HD37-S LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGSSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
582.	HD37-S LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT CTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA

[1393]

[1394]

				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG
				GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACACTCTGACTGCAGACGA
				ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT
				CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTGGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
			aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGTSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
				ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
				KLEIK
583.	HD37-T L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
584.	HD37-T L	인공	aa	

[1395]

				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA CAAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
585.	HD37-T LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGTSYLN
586.	HD37-T LCDR2	인공	aa	DASNLVS
587.	HD37-T LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
588.	HD37-T H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNVNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYAMDYWGQGTTVTVSS
589.	HD37-T H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
590.	HD37-T HCDR1	인공	aa	SYWMN
591.	HD37-T HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNVNGKFKG
592.	HD37-T HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYAMDY

593.	HD37-T LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGTSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
			nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTTGATTATGATGGTA CAAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG

[1396]

				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
595.	HD37-I L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGISYLNWYQQIPGQPPKLLIYDA SNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGTKL EIK
596.	HD37-I L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTCGAGATCAAA
597.	HD37-I LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGISYLN
598.	HD37-I LCDR2	인공	aa	DASNLVS
599.	HD37-I LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
600.	HD37-I H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV

[1397]

				GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
601.	HD37-1 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
602.	HD37-1 HCDR1	인공	aa	SYWMN
603.	HD37-1 HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
604.	HD37-1 HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYAMDY
605.	HD37-1 LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGISYLNWYQQIPGQPPKLLIYDA SNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGTKL EIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWM NWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSS LASEDSAVYFCARRETTTVGRYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVES GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS YWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
606.	HD37-1 LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG

[1398]

[1399]

607.	HD37-L L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGLSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
				TGGCAGTGGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA

608.	HD37-L L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC TGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
609.	HD37-L LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGLSYLN
610.	HD37-L LCDR2	인공	aa	DASNLVS
611.	HD37-L LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
612.	HD37-L H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
613.	HD37-L H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
614.	HD37-L HCDR1	인공	aa	SYWMN
615.	HD37-L HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG

[1400]

[1401]

616.	HD37-L HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
617.	HD37-L LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGLSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
618.	HD37-L LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAAGTGTTGATTATGATGGTC TGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT

[1402]

				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
619.	HD37-V L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGVSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
620.	HD37-V L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTCGAGATCAAA
621.	HD37-V LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGVSYLN
622.	HD37-V LCDR2	인공	aa	DASNLVS
623.	HD37-V LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT

624.	HD37-V H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
625.	HD37-V H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
626.	HD37-V HCDR1	인공	aa	SYWMN
627.	HD37-V HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
628.	HD37-V HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
629.	HD37-V LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGVSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL

[1403]

630.	HD37-V LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG
				TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG
				GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA
				ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT
				CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA

[1404]

[1405]

631.	HD37-E L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGESYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
632.	HD37-E L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTG AGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
633.	HD37-E LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGESYLN
634.	HD37-E LCDR2	인공	aa	DASNLVS
635.	HD37-E LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
636.	HD37-E H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
637.	HD37-E H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC

638.	HD37-E HCDR1	인공	aa	SYWMN
639.	HD37-E HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
640.	HD37-E HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
641.	HD37-E LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGESYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
642.	HD37-E LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCAAAGTGTTGATTATGATGGTG AGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC

[1406]

[1407]

			CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGAGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATACCTAC TGGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGGTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
643.	HD37-Q L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGQSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
644.	HD37-Q L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC AGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
645.	HD37-Q LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGQSYLN

646.	HD37-Q LCDR2	인공	aa	DASNLVS
647.	HD37-Q LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
648.	HD37-Q H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
649.	HD37-Q H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
650.	HD37-Q HCDR1	인공	aa	SYWMN
651.	HD37-Q HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
652.	HD37-Q HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
653.	HD37-Q LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGQSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK

[1408]

[1409]

				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
654.	HD37-Q LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC AGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA

				AACTGACTGTCCTA
655.	HD37-N L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGNSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
				ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
				KLEIK
656.	HD37-N L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
				ACAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTCGAGATCAAA
657.	HD37-N LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGNSYLN
658.	HD37-N LCDR2	인공	aa	DASNLVS
659.	HD37-N LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
660.	HD37-N H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW
				PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV
				GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
661.	HD37-N H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC
				AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA
				TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG
				ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA
				AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA
				GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG
				ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG
				GACCACGGTCACCGTCTCCTCC

[1410]

[1411]

662.	HD37-N HCDR1	인공	aa	SYWMN
663.	HD37-N HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
664.	HD37-N HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
665.	HD37-N LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGNSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
666.	HD37-N LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA ACAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT

			TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
667.	HD37-K L	인공	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGKSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
668.	HD37-K L	인공	nt GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA AGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
669.	HD37-K LCDR1	인공	KASQSVDYDGKSYLN

[1412]

670.	HD37-K LCDR2	인공	aa	DASNLVS
671.	HD37-K LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
672.	HD37-K H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
673.	HD37-K H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
674.	HD37-K HCDR1	인공	aa	SYWMN
675.	HD37-K HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
676.	HD37-K HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
677.	HD37-K LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGKSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK

[1413]

				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
678.	HD37-K LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA AGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA

[1414]

				AACTGACTGTCCTA
679.	HD37-R L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGRSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
680.	HD37-R L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC GTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTCGAGATCAAA
681.	HD37-R LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGRSYLN
682.	HD37-R LCDR2	인공	aa	DASNLVS
683.	HD37-R LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
684.	HD37-R H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
685.	HD37-R H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC

[1415]

686.	HD37-R HCDR1	인공	aa	SYWMN
687.	HD37-R HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
688.	HD37-R HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
689.	HD37-R LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGRSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
690.	HD37-R LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC GTAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT

[1416]

			TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
			CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
			TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
			TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
			TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
			AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
			TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
			TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
			TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
			CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
			TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
			CCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
			TCCTCGGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
			AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
			TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
			AACTGACTGTCCTA
691.	HD37-H L	인공	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGHSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
		aa	ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
			KLEIK
692.	HD37-H L	인공	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
		nt	GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC
			ACAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
			CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
			TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
			AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
			ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
693.	HD37-H LCDR1	인공	KASQSVDYDGHSYLN
		aa	

[1417]

694.	HD37-H LCDR2	인공	aa	DASNLVS
695.	HD37-H LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
696.	HD37-H H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
697.	HD37-H H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
698.	HD37-H HCDR1	인공	aa	SYWMN
699.	HD37-H HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
700.	HD37-H HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
701.	HD37-H LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGHSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK

[1418]

[1419]

				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
702.	HD37-H LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC ACAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA

				AACTGACTGTCCTA
703.	HD37-Y L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGYSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD
				ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT
				KLEIK
704.	HD37-Y L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT
				ACAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
705.	HD37-Y LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGYSYLN
706.	HD37-Y LCDR2	인공	aa	DASNLVS
707.	HD37-Y LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
708.	HD37-Y H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW
				PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV
				GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
709.	HD37-Y H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC
				AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA
				TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG
				ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA
				AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA
				GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG
				ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG
				GACCACGGTCACCGTCTCCTCC

[1420]

710.	HD37-Y HCDR1	인공	aa	SYWMN
711.	HD37-Y HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
712.	HD37-Y HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
713.	HD37-Y LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGYSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
714.	HD37-Y LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTTGATTATGATGGTT ACAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT

[1421]

			TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
715.	HD37-P L	인공	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGPSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
716.	HD37-P L	인공	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC CAAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
717.	HD37-P LCDR1	인공	KASQSVDYDGPSYLN

[1422]

718.	HD37-P LCDR2	인공	aa	DASNLVS
719.	HD37-P LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
720.	HD37-P H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
721.	HD37-P H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
722.	HD37-P HCDR1	인공	aa	SYWMN
723.	HD37-P HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
724.	HD37-P HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
725.	HD37-P LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGPSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK

[1423]

[1424]

			AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
726.	HD37-P LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC
				CAAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTCTG
				GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA
				ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT
				CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGAGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA

[1425]

				AACTGACTGTCCTA
727.	HD37-F L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGFSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
728.	HD37-F L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
729.	HD37-F LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGFSYLN
730.	HD37-F LCDR2	인공	aa	DASNLVS
731.	HD37-F LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
732.	HD37-F H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
733.	HD37-F H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC

734.	HD37-F HCDR1	인공	aa	SYWMN
735.	HD37-F HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
736.	HD37-F HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
737.	HD37-F LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGFSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
738.	HD37-F LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGAATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT

[1426]

[1427]

				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
739.	HD37-W L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGWSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
740.	HD37-W L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT GGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
741.	HD37-W LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGWSYLN

742.	HD37-W LCDR2	인공	aa	DASNLVS
743.	HD37-W LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
744.	HD37-W H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTV GRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
745.	HD37-W H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC
746.	HD37-W HCDR1	인공	aa	SYWMN
747.	HD37-W HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
748.	HD37-W HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
749.	HD37-W LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGWSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK

[1428]

[1429]

				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
750.	HD37-W LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT
				GGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA
				AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG
				GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACACTCTGACTGCAGACGA
				ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT
				CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TGCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA

[1430]

				AACTGACTGTCCTA
751.	HD37-M L	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGMSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIK
752.	HD37-M L	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA TGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGGACCAAGCTCGAGATCAAA
753.	HD37-M LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGMSYLN
754.	HD37-M LCDR2	인공	aa	DASNLVS
755.	HD37-M LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
756.	HD37-M H	인공	aa	QVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYWMNWVKQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLSSLASEDSAVYFCARRETTTV GRYYAMDYWGQGTTVTVSS
757.	HD37-M H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTGGGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGGAAAGTTCAAGGGTAA AGCCACTCTGACTGCAGACGAATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA GCAGCCTAGCATCTGAGGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCC

758.	HD37-M HCDR1	인공	aa	SYWMN
759.	HD37-M HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
760.	HD37-M HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
761.	HD37-M LH x I2C HL	인공	aa	DIQLTQSPASLAVSLGQRATISCKASQSVDYDGMSYLNWYQQIPGQPPKLLIYD ASNLVSGIPPRFSGSGSGTDFTLNIHPVEKVDAATYHCQQSTEDPWTFGGGT KLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSSYW MNWVKQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGKATLTADESSSTAYMQLS SLASEDSAVYFCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
762.	HD37-M LH x I2C HL	인공	nt	GATATCCAGCTGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTCTCTAGGGCA GAGGGCCACCATCTCCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA TGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGATTCCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGA AGGTGGATGCTGCAACCTATCACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTGGAGGACCAAGCTCGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGCAGTCTG GGGCTGAGCTGGTGAGGCCTGGGTCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCAGTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAAGCAGAGGCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAAAGCCACTCTGACTGCAGACGA ATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAACTCAGCAGCCTAGCATCTGAGGACT CTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT

[1431]

[1432]

				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA AACTGACTGTCCTA
763.	37VH-aXho1	인공	nt	CAGCTGCTCGAGTCTGGGGCTGAGSTGRWGARGCCTGGGKCCTCAGTGAA GRTTTCCTGCAAGGCTTCTGGC
764.	37VH-b	인공	nt	CCACTCAAGACCCTGTCCAGGGSSCTGCYTCACCCAGTTCATCCAGTAGC TAGWGAATGYATAGCCAGAAGCCTTGCAGGA
765.	37VH-c	인공	nt	GGACAGGGTCTTTGAGTGGATKGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGATA CTAACTACAATGGAAAGTTCAAG
766.	37VH-d	인공	nt	CAGGCTGCTGAGTTSCATGTAGRCTGTGCTGGTGGATKYGTCASSAGTCA KAGTGRCTYTACCCTTGAACTTTCCATTGTAG
767.	37VH-e	인공	nt	CATGSAACTCAGCAGCCTGSSATCTGAGGAGACTGCGGTCTATTWCTGTG CAAGACGGGAGACTACGACGG

[1433]

768.	37VH-fBstE2	인공	nt	GGAGACGGTGACCGTGGTCCCTTGGCCCCAGTAGTCCATAGCATAGTAAT AACGGCCTACCGTCGTAGTCTCCCGTCTTGC
769.	37VL-A-SacI	인공	nt	CAGCTGGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCARCTTCTTTGKCTGYGTCTST AGGGSASAGAGYCACCATCWCCTGCAAGGCCAGC
770.	37VL-B	인공	nt	CTGTTGGTACCAGTTCAAATAASTSNNACCATCATAATCAACACTTTGGC TGGCCTTGCAGGTGATGGT
771.	37VL-C	인공	nt	TTGAACTGGTACCAACAGAWACCAGGAMAGSCACCCAAACTCCTCATCTA TGATGCATCCAATCTAGTTTCT
772.	37VL-D	인공	nt	GAGGGTGAAGTCTGTCCCAGACCCACTGCCACTAAACCTGGRTGGGAYCC CAGAAACTAGATTGGATGC
773.	37VL-E	인공	nt	GGGACAGACTTCACCCTCAMCATCMRTYCTSTGSAGMMGGWGGATKYCG CAACCTATYACTGTCAGCAAAGTACTGAG
774.	37VL-F- BsiW1SpeI	인공	nt	ACTCAGACTAGTCGTACGTTTGATCTCCACCTTGGTCCCTTGACCGAACG TCCACGGATCCTCAGTACTTTGCTGACAG
775.	플래그-태그	인공	aa	DYKDDDDK
776.	인간 c-MET 구축물	인공	nt	ATGAAGGCCCCCGCTGTGCTTGCACCTGGCATCCTCGTGCTCCTGTTTAC CTTGGTGCAGAGGAGCAATGGGAGTGTAAAGAGGCACTAGCAAAGTCCG AGATGAATGTGAATATGAAGTATCAGCTTCCCAACTTCACCGCGGAAACA CCCATCCAGAATGTCATTCTACATGAGCATCACATTTTCCTTGGTGCCAC TAACTACATTTATGTTTTAAATGAGGAAGACCTTCAGAAGGTTGCTGAGT ACAAGACTGGGCCTGTGCTGGAACACCCAGATTGTTTCCCATGTCAGGAC TGCAGCAGCAAAGCCAATTTATCAGGAGGTGTTTGGAAAGATAACATCAA CATGGCTCTAGTTGTGGACACCTACTATGATGATCAACTCATTAGCTGTG

[1434]

			GCAGCGTCAACAGAGGACCTGCCAGCGACATGTCTTTCCCCACAATCAT
			ACTGCTGACATACAGTCGGAGGTTCACTGCATATTCTCCCCCACAGATAGA
			AGAGCCCAGCCAGTGTCCTGACTGTGTGGTGAGCGCCCTGGGAGCCAAAG
			TCCTTTCATCTGTAAAGGACCGGTTCATCAACTTCTTTGTAGGCAATACC
			ATAAATTCTTCTTATTTCCCAGATCATCCATTGCATTCGATATCAGTGAG
			AAGGCTAAAGGAAACGAAAGATGGTTTTATGTTTTTTGACGGACCAGTCCT
			ACATTGATGTTTTACCTGAGTTCAGAGATTCTTACCCCATTAAGTATGTC
			CATGCCTTTGAAAGCAACAATTTTATTTACTTCTTTGACGGTCCAAAGGGA
			AACTCTAGATGCTCAGACTTTTCACACAAGAATAATCAGGTTCTGTTCCA
			TAAACTCTGGATTGCATTCCTACATGGAAATGCCTCTGGAGTGTATTCTC
			ACAGAAAAGAGAAAAAAGAGATCCACAAAGAAGGAAGTGTTTAATATACT
			TCAGGCTGGTATGTCAGCAAGCCTGGGCCCAGCTTGCTAGACAAATAG
			GAGCCAGCCTGAATGATGACATTCTTTTCGGGGTGTTCGCACAAAGCAAG
			CCAGATTCTGCCGAACCAATGGATCGATCTGCCATGTGTGCATTCCCTAT
			CAAATATGTCAACGACTTCTTCAACAAGATCGTCAACAAAAACAATGTGA
			GATGTCTCCAGCATTTTTACGGACCCAATCATGAGCACTGCTTTAATAGG
			ACACTTCTGAGAAATTCATCAGGCTGTGAAGCGCGCCGTGATGAATATCG
			AACAGAGTTTACCACAGCTTTGCAGCGGTTGACTTATTCATGGGTCAAT
			TCAGCGAAGTCCTCTTAACATCTATATCCACCTTCATTAAAGGAGACCTC
			ACCATAGCTAATCTTGGGACATCAGAGGGTCGCTTCATGCAGGTTGTGGT
			TTCTCGATCAGGACCATCAACCCCTCATGTGAATTTTCTCCTGGACTCCC
			ATCCAGTGTCTCCAGAAGTGATTGTGGAGCATACATTAAACCAAAATGGC
			TACACACTGGTTATCACTGGGAAGAAGATCACGAAGATCCCATTGAATGG
			CTTGGGCTGCAGACATTTCCAGTCCTGCAGTCAATGCCTCTCTGCCCAC
			CCTTTGTTCAGTGTGGCTGGTGCCACGACAAATGTGTGGATCGGAGGAA
			TGCCTGAGCGGGGACATGGACTCAACAGATCTGTCTGCCTGCAATCTACAA
			GGTTTTCCCAAATAGTGCACCCCTTGAAGGAGGGACAAGGCTGACCATAT
			GTGGCTGGGACTTTGGATTTCGGAGGAATAATAAATTTGATTTAAAGAAA
			ACTAGAGTTCTCCTTGGAAATGAGAGCTGCACCTTGACTTTAAGTGAGAG
			CACGATGAATACATTGAAATGCACAGTTGGTCCTGCCATGAATAAGCATT
			TCAATATGTCCATAAATTATTTCAAATGGCCACGGGACAACACAATACAGT
			ACATTCTCCTATGTGGATCCTGTAATAACAAGTATTTTGGCCGAAATACGG

[1435]

			TCCTATGGCTGGTGGCACTTTACTTACTTTAACTGGAAATTACCTAAAGA
			GTGGGAATAGCAGACACATTTCAATTGGTGGAAAAACATGTACTTTAAAA
			AGTGTGTCAAACAGTATTCTTGAATGTTATACCCCAGCCCAAACCATTTC
			AACTGAGTTTGCTGTTAAATTGAAAATTGACTTAGCCAACCGAGAGACAA
			GCATCTTCAGTTACCGTGAAGATCCCATTGTCTATGAAATTCATCCAACC
			AAATCTTTTATTAGTGGTGGGAGCACAATAACAGGTGTTGGGAAAACCT
			GAACTCAGTTAGTGTCCCGAGAATGGTCATAAATGTGCATGAAGCAGGAA
			GGAACTTTACAGTGGCATGTCAACATCGGCTCTAATTCAGAGATAAATCTGT
			TGTACCACTCCTTCCCTGCAACAGCTGAATCTGCAACTCCCCCTGAAAAC
			CAAAGCCTTTTTCATGTTAGATGGGATCCTTTCCAAATACTTTGATCTCA
			TTTATGTACATAAATCCTGTGTTTAAGCCTTTTGAAAAGCCAGTGATGATC
			TCAATGGGCAATGAAAATGTACTGGAAATTAAGGGAAATGATATTGACCC
			TGAAGCAGTTAAAGGTGAAGTGTTAAAAGTTGGAAATAAGAGCTGTGAGA
			ATATACACTTACATTCTGAAGCCGTTTTATGCACGGTCCCCAAATGACCTG
			CTGAAATTGAACAGCGAGCTAAATATAGAGTGGAAGCAAGCAATTTCTTC
			AACCGTCCTTGGAAAAGTAATAGTTCAACCAGATCAGAATTTCACAGGAT
			TGATTGCTGGTGTTGTCTCAATATCAACAGCACTGTTATTTACTACTTGGG
			TTTTTCCTGTGGCTGAAAAAGAGAAAGCAAATTAAAGATCTGGGCAGTGA
			ATTAGTTCGCTACGATGCAAGAGTACACACTCCTCATTTGGATAGGCTTG
			TAAGTGCCCGAAGTGTAAGCCCAACTACAGAAATGGTTTCAAATGAATCT
			GTAGACTACCGAGCTACTTTTCCAGAAGATCAGTTTCCTAATTCATCTCA
			GAACGGTTCATGCCGACAAGTGCAGTATCCTCTGACAGACATGTCCCCCA
			TCCTAACTAGTGGGGACTCTGATATATCCAGTCCATTACTGCAAAATACT
			GTCCACATTGACCTCAGTGCCTCTAAAATCCAGAGCTGGTCCAGGCAGTGCA
			GCATGTAGTGATTGGGCCCAGTAGCCTGATTGTGCATTTCAATGAAGTCA
			TAGGAAGAGGGCATTTTGGTTGTATATCATGGACTTTGTTGGACAAT
			GATGGCAAGAAAATTCACTGTGCTGTGAAATCCTTGAACAGAATCACTGA
			CATAGGAGAAGTTTCCCAATTTCTGACCGAGGGAATCATCATGAAAGATT
			TTAGTCATCCCAATGTCCTCTCGCTCCTGGGAATCTGCCTGCGAAGTGAA
			GGGTCTCCGCTGGTGGTCCTACCATACATGAAACATGGAGATCTTCGAAA
			TTTCATTCGAAATGAGACTCATAATCCAACTGTAAAAGATCTTATTGGCT
			TTGGTCTTCAAGTAGCCAAAGGCATGAAATATCTTGCAAGCAAAAAGTTT

[1436]

			GTCCACAGAGACTTGGCTGCAAGAAACTGTATGCTGGATGAAAAATTCAC
			AGTCAAGGTTGCTGATTTTGGTCTTGCCAGAGACATGTATGATAAAGAAT
			ACTATAGTGTACACAACAAAACAGGTGCAAAGCTGCCAGTGAAGTGGATG
			GCTTTGGAAAGTCTGCAAACTCAAAAGTTTACCACCAAGTCAGATGTGTG
			GTCCTTTGGCGTGCTCCTCTGGAGCTGATGACAAGAGGAGCCCCACCTT
			ATCCTGACGTAAACACCTTTGATATAACTGTTTACTTGTTGCAAGGGAGA
			AGACTCCTACAACCCGAATACTGCCCAGACCCCTTATATGAAGTAATGCT
			AAAATGCTGGCACCCTAAAGCCGAAATGCGCCCATCCTTTTCTGAACTGG
			TGTCCCGGATATCAGCGATCTTCTCTACTTTCATTGGGAGCACTATGTC
			CATGTGAACGCTACTTATGTGAACGTAAAATGTGTCGCTCCGTATCCTTC
			TCTGTTGTCATCAGAAGATAACGCTGATGATGAGGTGGACACACGACCAG
			CCTCCTTCTGGGAGACATCATAG
777.	인간 c-MET 구축물	인공	aa
			MKAPAVLAPGILVLLFTLVQRSNGECKEALAKSEMNVNMKYQLPNFTAETPI
			QNVILHEHHIFLGATNYIYVLNEEDLQKVAEYKTGPVLEHPDCFPCQDCSSKA
			NLSGGVWKDNINMALVVDTYYDDQLISCGSVNRGTCQRHVFPHNHTADIQSE
			VHCIFSPQIEEPSQCPDCVVSALGAKVLSSVKDRFINFFVGNTINSSYFPDHPLH
			SISVRRLKETKDGFMFLTDQSYIDVLPEFRDSYPIKYVHAFESNNFIYFLTVQRE
			TLDAQTFHTRIIRFCSINSGLHSYMEMPLECILTEKRKKRSTKKEVFNILQAAY
			VSKPGAQLARQIGASLNDDILFGVFAQSKPDSAEPMDRSAMCAFPIKYVNDFF
			NKIVNKNNVRCLQHFYGPNHEHCFNRTLLRNSSGCEARRDEYRTEFTTALQR
			VDLFMGQFSEVLLTSISTFIKGDLTIANLGTSEGRFMQVVVSRSGPSTPHVNFL
			LDSHPVSPEVIVEHTLNQNGYTLVITGKKITKIPLNGLGCRHFQSCSQCLSAPP
			FVQCGWCHDKCVRSEECLSGTWTQQICLPAIYKVFPNSAPLEGGTRLTICGWD
			FGFRRNNKFDLKKTRVLLGNESCTLTLSESTMNTLKCTVGPAMNKHFNMSIII
			SNGHGTTQYSTFSYVDPVITSISPKYGPMAGGTLLTLTGNYLNSGNSRHISIGG
			KTCTLKSVSNSILECYTPAQTISTEFAVKLKIDLANRETSIFSYREDPIVYEIHPT
			KSFISGGSTITGVGKNLNSVSVPRMVINVHEAGRNFTVACQHRSNSEIICCTTP
			SLQQLNLQLPLKTKAFFMLDGILSKYFDLIYVHNPVFKPFEKPVMISMGNENV
			LEIKGNDIDPEAVKGEVLKVGNKSCENIHLHSEAVLCTVPNDLLKLNSELNIEW
			KQAISSTVLGKVIVQPDQNFTGLIAGVVSISTALLLLLGFFLWLKKRKQIKDLGS
			ELVRYDARVHTPHLDRLVSARSVSPTTEMVSNESVDYRATFPEDQFPNSSQN
			GSCRQVQYPLTDMSPILTSGDSDISSPLLQNTVHIDLSALNPELVQAVQHVVIG

[1437]

				PSSLIVHFNEVIGRGHFGCVYHGTLLDNDGKKIHCAVKSLNRITDIGEVSQFLT EGIIMKDFSHPNVLSLLGICLRSEGSPLVVLPYMKHGDLRNFIRNETHNPTVKD LIGFGLQVAKGMKYLASKKFVHRDLAARNCMLDEKFTVKVADFGLARDMYD KEYYSVHNKTGAKLPVKWMALESLQTQKFTTKSDVWSFGVLLWELMTRGAP PYPDVNTFDITVYLLQGRRLLQPEYCPDPLYEVMLKCWHPKAEMRPSFSELVS RISAIFSTFIGEHYVHVNATYVNVKCVAPYPSLLSSEDNADDEVDTRPASFWE TS
778.	천방향 프라이머	인공	nt	AGGAATTCACCATGAAGGCCCCGCTGTGCTTGCACC
779.	역방향 프라이머	인공	nt	CTCCAGAGGCATTTCCATGTAGG
780.	천방향 프라이머	인공	nt	GTCCAAAGGGAAACTCTAGATGC
781.	역방향 프라이머	인공	nt	GGAGACACTGGATGGAGTCCAGG
782.	천방향 프라이머	인공	nt	CATCAGAGGGTCGCTTCATGCAGG
783.	역방향 프라이머	인공	nt	GCTTTGGTTTTCAGGGGAGTTGC
784.	천방향 프라이머	인공	nt	ATCCAACCAAATCTTTTATTAGTGGTGG
785.	역방향 프라이머	인공	nt	GACTTCATTGAAATGCACAATCAGG
786.	천방향 프라이머	인공	nt	TGCTCTAAATCCAGAGCTGGTCC
787.	역방향 프라이머	인공	nt	GTCAGATAAGAAATTCCTTAGAATCC
788.	짧은꼬리 원숭이 c-MET 구축물	인공	nt	ATGAAGGCCCCGCTGTGCTTGCACCTGGCATCCTCGTGCTCCTGTTTAC CTTGGTGCAGAGGAGCAATGGGGAGTGTAAAGAGGCACTAGCAAAGTCCG AGATGAATGTGAATATGAAGTATCAGCTTCCCAACTTCACCGCGGAAACA GCCATCCAGAATGTCATTCTACATGAGCATCACATTTTCCTCGGTGCCAC CAACTACATTTATGTTTTAAATGAGGAAGACCTTCAGAAGGTTGCTGAGT ACAAGACCGGGCCTGTGCTGGAACACCCAGATTGTTTCCGTGTCAGGAC TGCAGCAGCAAAGCCAATTTATCAGGAGGCGTTTGAAAGATAACATCAA CATGGCTCTGGTTGTGGACACCTACTATGATGATCAACTCATTAGCTGTG GCAGCGTCAACAGAGGACCTGCCAGCGACATGTCTTTCCCATAATCAT

[1438]

				ACTGCTGACATACAGTCGGAGGTTCACTGCATATTCTCCCCACAGATAGA
				AGAGCCCAACCAGTGCCCTGACTGTGTGGTGAGCGCCCTGGGAGCCAAAG
				TCCTTTCATCTGTAAAGGACCGGTTCATCAACTTCTTTGTAGGCAATACC
				ATAAATTCTTCTTATTTCCCACATCATCCGTTGCATTCGATATCAGTGAG
				AAGGCTAAAGGAAACGAAAGATGGTTTTATGTTTTTTGACAGACCAGTCCT
				ACATTGATGTTTTACCTGAGTTCAGAGATTCTTACCCCATTAAGTACATC
				CACGCTTTTGAAAGCAACAATTTTATTTACTTCTTGACGGTCCAAAGGGA
				AACTCTAAATGCTCAGACTTTTTCACACAAGAATAATCAGGTTCTGTTCCT
				TAAACTCTGGATTGCACTCCTCTACATGGAAATGCCTCTAGAGTGTATTCTC
				ACAGAAAAGAGAAAAAAGAGATCCACACAAAGAAGGAAGTGTTTAATATCCT
				TCAGGCTGCATATGTCAGCAAGCCCCGGGGCCCAGCTTGCTAGACAAATAG
				GAGCCAGCCTGAATGATGACATTCTCTTTGGGGTGTTCGCACAAAGCAAG
				CCAGATTCTGCCGAACCAATGGATCGATCTGCAATGTGTGCATTTCCTAT
				CAAATATGTCAACGACTTCTTCAACAAGATCGTCAACAAAAACAATGTGA
				GATGTCTCCAGCATTTTTATGGACCCAATCATGAGCACTGTTTTAATAGG
				ACACTTCTGAGAAATTCATCAGGCCTGTGAAGCGCGCCGTGATGAATATCG
				AGCAGAGTTTACCACAGCTTTGCAGCGGGTTGACTTATTCATGGGTCAAT
				TCAGCGAAGTCCTCTTAACATCTATATCCACCTTCGTGAAAGGAGACCTC
				ACCATCGCTAATCTTGGGACATCAGAGGGTCGCTTCATGCAGGTTGTGGT
				TTCTCGATCAGGACCATCAACCCCTCATGTGAATTTTCTCCTGGACTCTC
				ACCCGGTGTCTCCAGAAGTGATTGTGGAGCATCCATTAAACCAGAATGGC
				TACACACTGGTTGTCACGGGGAAGAAGATCACCAAGATCCCATTGAATGG
				CTTGGGGCTGCAGACATTTCCAGTCCTGCAGTCAGTGCCTCTCTGCCCCAC
				CCTTTGTGCAGTGTGGCTGGTGCCACGACAAATGTGTGCGATCGGAGGAA
				TGCCCCAGTGGGACATGGACTCAACAGATCTGTCTGCCTGCAATCTACAA
				GGTTTTCCAACTAGTGCACCCCTTGAAGGAGGACAAGGCTGACCATAT
				GTGGCTGGGACTTTGGATTTCGGAGGAATAATAAATTTGATTTAAAGAAA
				ACTAGAGTTCTCCTTGGAAATGAGAGCTGCACCTTGACTTTAAGTGAGAG
				CACGATGAATACATTGAAATGCACAGTTGGTCCTGCCATGAATAAACATT
				TCAATATGTCCATAATTATTTCAAATGGCCACGGGACAACACAATACAGT
				ACATTTTCCTATGTGGATCCTATAAATAACAAGTATTTCGCCAAAATATGG
				CCCTATGGCTGGTGGCACTTTACTTACTTTAACTGGAAATTACCTAAACA

[1439]

				AGTCAAGGTTGCTGATTTTGGTCTTGCCAGAGACATGTATGATAAAGAAT
				ACTATAGTGTTGCACAACAAAACAGGTGCAAAGCTGCCAGTGAAGTGGATG
				GCTTTGGAAAGTCTGCAAACTCAAAAGTTTACCACCAAGTCAGATGTGTG
				GTCCTTTGGTGTGCTCCTCTGGGAGCTCATGACAAGAGGAGCCCCACCCT
				ATCCTGATGTGAACACCTTTGATATAACTGTTTACTTGTTGCAAGGGAGA
				AGGCTCCTACAACCCGAATACTGCCCAGACCCCTTATATGAAGTAATGCT
				AAAATGCTGGCACCCTAAAGCAGAAATGCGCCCATCCTTTTCTGAACTGG
				TGTCCCGGATATCAGCGATCTTCTACTTTCATTGGGAGCACTACGTC
				CATGTAAACGCTACTTATGTGAACGTAAAATGTGTGCTCCATATCCTTC
				TCTGTTGTCATCAGAAGATAACGCTGATGACGAGGTGGACACATGA
789.	찹은꼬리 원숭이 c-MET 구축물	인공	aa	MKAPAVLAPGILVLLFTLVQRSNGECKEALAKSEMNVNMKYQLPNFTAETAI QNVILHEHHIFLGATNYIYVLNEEDLQKVAEYKTGPVLEHPDCFPCQDCSSKA NLSGGVWKDNINMALVVDTYYDDQLISCGSVNRGTCQRHVFPHNHTADIQSE VHCIFSPQIEEPNQCPDCVVSALGAKVLSSVKDRFINFFVGNTINSSYFPDHPL HSISVRRLKETKDGFMFLTDQSYIDVLPEFRDSYPIKYIHAFESNNFIYFLTVQR ETLNAQTFHTRIIRFCSLNSGLHSYMEMPLECILTEKRKKRSTKKEVFNILQAA YVSKPGAQLARQIGASLNDDILFGVFAQSKPDSAEPMDRSAMCAFPIKYVNDF FNKIVNKNNVRCLQHFYGPNHEHCFNRTLLRNSSGCEARRDEYRAEFTTALQ RVDLFMGQFSEVLLTSISTFVKGDLTIANLGTSEGRFMQVVVSRSGPSTPHVN FLLDSHPVSPEVIVEHPLNQNGYTLVVTGKKITKIPLNGLGCRHFQSCSQCLSA PPFVQCGWCHDKCVRSEECPSGTWTQQICLPAIYKVFPTSAPLEGGTRLTICG WDFGFRRNNKFDLKKTRVLLGNESCTLTLSESTMNTLKCTVGPAMNKHFNM SIIISNGHGTTQYSTFSYVDPIITSISPKYGPMAGGTLLTLTGNYLNSGNSRHISI GGKTCTLKSVSNSILECYTPAQTISTEFAVKLKIDLANRETSIFSYREDPIVYEIH PTKSFISGGSTITGVGKNLHSVSVPRMVINVHEAGRNFTVACQHRSNSEIICCT TPSLQQLNLQLPLKTKAFFMLDGILSKYFDLIYVHNPVFKPFEKPVMISMGNE NVLEIKGNDIDPEAVKGEVLKVGNKSCENIHLHSEAVLCTVPNDLLKLNSELNI EWKQAISSTVLGKVIVQPDQNFTGLIAGVVSISIALLLLLGLFLWLKKRKQIKDL GSELVRYDARVHTPHLDRLVSARSVSPTTEMVSNESVDYRATFPEDQFPNSS QNGSCRQVQYPLTDMSPILTSGDSDISSPLLQNTVHIDLSALNPELVQAVQHVV IGPSSLIVHFNEVIGRGHFGCVYHGTLLDNDGKKIHCAVKSLNRITDIGEVSQFL TEGIIMKDFSHPNVLSLLGICLRSEGSPLVVLPYMKHGDLRNFIRNETHNPTVK

[1440]

GTGGCAATTCTAGACACATTTCAATTGGTGGAAAAACATGTACTTTAAAA			
AGTGTGTCAAACAGTATTCTCGAATGTTATACCCCAGCCCAAACCATTTC			
AACTGAGTTTGCTGTTAAATTGAAAATTGACTTAGCCAACCGAGACAA			
GCATCTTCAGTTACCGGGAAGACCCCATTGTCTATGAAATTCATCCAACC			
AAATCTTTTATTAGTGGTGGAGCACAATAACAGGTGTTGGGAAAAACCT			
GCATTCAGTTAGTGTCCCGAGGATGGTCATAAATGTGCATGAAGCAGGAA			
GGAACTTTACAGTGGCATGTCAGCATCGCTCTAATTCAGAGATAATCTGC			
TGTACCACTCCTTCCCTGCAACAGCTGAATCTGCAACTCCCCCTGAAAAC			
CAAAGCCTTTTTCATGTTAGATGGGATCCTTTCCAAATACTTTGATCTCA			
TTTATGTACATAATCCTGTGTTTAAGCCTTTTGAAAAGCCAGTAATGATC			
TCAATGGGCAATGAAAATGTACTGGAAATTAAGGGGAAATGATATTGACCC			
TGAAGCAGTTAAAGGTGAAGTGTTAAAAGTTGGAAATAAGAGCTGTGAGA			
ATATACACTTACATTCTGAAGCCGTTTTATGCACGGTCCCCAATGACCTG			
CTGAAATTGAACAGCGAGCTAAATATAGAGTGGAAGCAAGCAATTTCTTC			
AACCGTCCTTGGAAAAGTAATAGTTCAACCAGATCAGAATTTCACCGAT			
TGATTGCTGGTGTTGTCTCAATATCAATAGCACTCTTACTACTACTTGGG			
CTTTTCCTGTGGCTGAAAAAGAGAAAGCAAATTAAAGATCTGGGCAGTGA			
ATTAGTTCGCTATGATGCAAGAGTACACACTCCTCATTTGGATAGGCTTG			
TAAGTGCCCGAAGTGTAAGCCCAACAACAGAAATGGTTTCAAATGAATCT			
GTAGACTACCGAGCTACTTTTCCAGAAGATCAGTTTCCTAATTCATCTCA			
GAACGGTTCATGCCGACAAGTGCAGTATCCTCTGACAGACATGTCCCCA			
TCCTGACTAGTGGGGACTCTGATATATCCAGTCCATTACTGCAAAACACT			
GTCCACATTGACCTCAGCGCTCTAAATCCAGAGCTGGTCCAGGCAGTGCA			
GCATGTAGTGATTGGGCCCAGTAGCCTGATTGTGCATTTCAATGAAGTCA			
TAGGAAGAGGCATTTTGGTTGTGTATATCATGGGACTTTGTTGGACAAT			
GATGGCAAGAAAATTCACTGTGCTGTGAAATCCTTGAACAGAATCACTGA			
CATAGGAGAAGTTTCCCAGTTTCTGACCGAGGGAATCATCATGAAAGATT			
TTAGTCATCCCAATGTCCTCTCGCTCCTGGGAATCTGCCTGCGAAGTGAA			
GGGTCTCCGCTGGTGGTCCTACCCTACATGAAACATGGAGATCTTCGAAA			
TTTCATTCGAAATGAGACTCATAATCCAACTGTAAAAGATCTTATTGGCT			
TTGGTCTTCAAGTAGCCAAAGGCATGAAATATCTTTGCAAGCAAAAAGTTT			
GTCCACAGAGACTTGGCTGCAAGAAACTGTATGCTGGATGAAAAATTCAC			

[1441]

				DLIGFGLQVAKGMKYLASKKFVHRDLAARNCMLDEKFTVKVADFGLARDMY
				DKEYYSVHNKTGAKLPVKWMALESLQTQKFTTKSDVWSFGVLLWELMTRG
				APPYPDVNTFDITVYLLQGRRLLQPEYCPDPLYEVMLKCWHPKAEMRPSFSEL
				VSRISAIFSTFIGEHYVHVNATYVNVKCVAPYPSLLSSEDNADDEVDT
790.	CM1-VH-A-XhoI	인풍	nt	CCATGTCTCGAGTCTGGGSCTGAASTGRWGARGCCTGGGGCTTCAGTGAA
791.	CM1-VH-B	인풍	nt	ARTGTCCTGCARGGCTTCGGGCTATACCTTC ATCCACTCAAGCCYTTGTCCAGGCSYCTGTYTAACCCAGTGCAACCAGTAG
792.	CM1-VH-C	인풍	nt	CTGGTGAAGGTATAGCCCGAAGC GGCTTGAGTGGATKGGCATGATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTT
793.	CM1-VH-D	인풍	nt	AATCCGAACTTCAAGGAC GCTGCTGAGCWSCATGTAGGCTGTGYTGGMAGATSTGTCTMYAKTSAWT
794.	CM1-VH-E	인풍	nt	GTGRCCYTGTCCTTGAAGTTCGGATT GCCTACATGSWACTCAGCAGCCTGASATCTGMGGACACTGCAGTCTATTA
795.	CM1-VH-F-BstEII	인풍	nt	CTGTGCCASATATGGTAGCTACGTT CATGTAGGTGACCGAGGTTCCTTGACCCCAGTAGTCCAGAGGGGAAACGT
796.	CM3-VH-A-XhoI	인풍	nt	AGCTACCATA CCATGTCTCGAGTCTGGGRCTGAASTGRWGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAA
797.	CM3-VH-B	인풍	nt	GSTGTCCTGCAAGGCTTCT CTCAAGGCCTTGTCCAGGCSYCTGCYTCACCCAGTGTATCCAGTAACTGG
798.	CM3-VH-C	인풍	nt	TGAAGGTGTAGCCAGAAGCCCTTGCAGGA CCTGGACAAGGCCTTGAGTGGATKGGAGAGATTAATCCTAGCAGCGGTCG
799.	CM3-VH-D	인풍	nt	TACTAACTACAACGAGAAATTC CTGTGGAGGTAGATKTGTCTMYAGTCAYTGTGACCYTGTTCTTTGAATTTC
800.	CM3-VH-E	인풍	nt	TCGTTTGTAGTT ATCTACCTCCACAGYCTACATGSAACTCAGCARCCTGASATCTGAGGACAC
801.	CM3-VH-F-BstEII	인풍	nt	TGCGGTCTATTACTGTGCA CATGTAGGTGACCGTGGTGCCTTGGCCCCAGTAGCCCCTWCTTGCACAGT
802.	CM1-VL-A-SacI	인풍	nt	AATAGACCGC CCTGTAGAGCTCGTGATGACCCAGACTCCAYYCTCCCTAMCTGTGACASY
803.	CM1-VL-B	인풍	nt	TGGAGAGMMGGYTTCTRTCAGCTTGCAAGTCCAGT GTACCAGGCCAAGTAGTTCTTCTTGACTGCTAGTATATAAAAGGGACTGAC TGGACTTGCAGCTGA

804.	CM1-VL-C	인공	nt	TACTTGGCCTGGTACCWGCAGAAACCAGGTCAGTCTCCTMAACTGCTGAT TTACTGGGCATCCACTAGG
805.	CM1-VL-D	인공	nt	GAGAGTGAAATCTGTCCCAGATCCACTGCCTGAGAAGCGATCAGGGACCC CAGATTCCCTAGTGGATGCCCAGTA
806.	CM1-VL-E	인공	nt	ACAGATTTCACTCTCAMAATCTCCAGWGTGRAGGCTGASGACSTGGSAGT TTATTACTGTCAGCAATAT
807.	CM1-VL-F-BsiWI/SpeI	인공	nt	CCTCAGACTAGTCGTACGTTTGATCTCCAACTTTGTGCCTCCACCGAACG TCCACGGATAGGCATAATATTGCTGACAGTAATA
808.	CM3-VL-A-SacI	인공	nt	CCTGTAGAGCTCGTGATGACCCAATCTCCASYTTCTTTGSCTGTGACTCT AGGGCAGCSGGCCTCCATCTCCTGC
809.	CM3-VL-Ba	인공	nt	GAACCAACTCATATAACTACCACCATCATAATCAACACTTTGGCTGGCCT TGCAGGAGATGGAGGC
810.	CM3-VL-Bb	인공	nt	GAACCAACTCATATAACTACCACCATCATAATCAACACTAGATTGGCTGG CCTTGCAGGAGATGGAGGC
811.	CM3-VL-C	인공	nt	AGTTATATGAGTTGGTTCCAACAGAGACCAGGACAGYCACCCARACKCCT CATCTMTGCTGCATCCAATCTA
812.	CM3-VL-D	인공	nt	GGTGAAGTCTGTCCCAGAGCCACTGCCACTAAACCTGKCTGGGAYCCCAG ATTCTAGATTGGATGCAGC
813.	CM3-VL-E	인공	nt	TCTGGGACAGACTTCACCCTCAAKATCYMTCSTGTGGAGGMGGAGGATGT TGSARYCTATTACTGTCAGCAAAGT
814.	CM3-VL-F-BsiWI/SpeI	인공	nt	CCTCAGACTAGTCGTACGTTTGATCTCCAGCTTGGTCCCCTGACCGAACG TGAGCGGATCCTCATAACTTTGCTGACAGTAATA
815.	MET-1 L	인공	aa	DIMMSQSPSSLTVSVGEKVTVSCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLL IYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTITSVKADDLAVYYCQQYYAYPWTFG GGTKLEIK
816.	MET-1 L-CDR1	인공	aa	KSSQSLLYTSSQKNYLA
817.	MET-1 L-CDR2	인공	aa	WASTRES
818.	MET-1 L-CDR3	인공	aa	QQYYAYPWT

[1442]

[1443]

819.	MET-1 L	인공	nt	GATATTATGATGAGTCAGTCCCCAGCAGCCTGACCGTGTCCGTGGGCGA GAAGGTGACCGTGTCTTGCAAGAGCAGCCAGAGCCTGCTGTACACCAGCA GCCAGAAGAACTATCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGAGCCCA AAGCTGCTGATCTACTGGGCCAGCACCCGGGAGAGCGGAGTGCCCGACAG ATTCACCGGCAGCGGCTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATCACCAGCG TGAAGGCCGACGACCTGGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACTACGCCTAC CCCTGGACCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGGAGATCAAG
820.	MET-1 H	인공	aa	QVQLQQSGPELVRPGASVKMSCRASGYTFTSYWLHWVKQRPGQGLEWIGMID PSNSDTRFNPNFKDKATLNVDRSSNTAYMLLSSLTSADSAVYYCATYGSYVS PLDYWGQGTSVTVSS
821.	MET-1 H-CDR1	인공	aa	SYWLH
822.	MET-1 H-CDR2	인공	aa	MIDPSNSDTRFNPNFKD
823.	MET-1 H-CDR3	인공	aa	YGSYVSPLDY
824.	MET-1 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGACCCGAGCTGGTGCGGCCAGGCGCCTC CGTGAAGATGAGCTGCAGGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAGCTACTGGC TGCACTGGGTGAAACAGAGACCTGGACAGGGACTGGAGTGGATCGGCATG ATCGACCCCAGCAACAGCGACACCAGGTTCAACCCCAACTTCAAGGACAA GGCCACCCTGAACGTGGACAGGTCCAGCAACACCGCCTACATGCTGCTGT CCAGCCTGACCTCTGCCGACAGCGCCGTGTATTACTGTGCCACCTACGGC AGCTACGTGTCCCCCCTGGACTACTGGGGCCAGGGCACCCTCTGTGACAGT GTCCTCC

825.	MET-1 HL	인공	aa	QVQLQQSGPELVRPGASVKMSCRASGYTFTSYWLHWVKQRPGQGLEWIGMID PSNSDTRFNPNFKDKATLNVDRSSNTAYMLLSSLTSADSAVYYCATYGSYVS PLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIMMSQSPSSLTVSVGEKVTVS CKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFTGSGSGT DFTLTITSVKADDLAVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIK
826.	MET-1 HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGACCCGAGCTGGTGCGGCCAGGCGCCTC CGTGAAGATGAGCTGCAGGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAGCTACTGGC TGCACTGGGTGAAACAGAGACCTGGACAGGACTGGAGTGGATCGGCATG ATCGACCCCAGCAACAGCGACACCAGGTTCAACCCCAACTTCAAGGACAA GGCCACCCTGAACGTGGACAGGTCCAGCAACACCGCCTACATGCTGCTGT CCAGCCTGACCTCTGCCGACAGCGCCGTGTATTACTGTGCCACCTACGGC AGCTACGTGTCCCCCCTGGACTACTGGGGCCAGGGCACCCTCTGTGACAGT GTCCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTGGTT CTGATATTATGATGAGTCAGTCCCCCAGCAGCCTGACCGTGTCCGTGGGC GAGAAGGTGACCGTGTCTTGCAAGAGCCAGAGCCTGCTGTACACCAG CAGCCAGAAGAACTATCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGAGCC CAAAGCTGCTGATCTACTGGGCCAGCACCCGGGAGAGCGGAGTGCCCGAC AGATTCACCGGCAGCGGCTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATCACCAG CGTGAAGCCCGACGACCTGGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACTACGCCT ACCCCTGGACCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGGAGATCAAG
827.	MET-1 LH	인공	aa	DIMMSQSPSSLTVSVGEKVTVSCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLL IYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTITSVKADDLAVYYCQQYYAYPWTFG GGTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGPELVRPGASVKMSCRASGYTF TSYWLHWVKQRPGQGLEWIGMIDPSNSDTRFNPNFKDKATLNVDRSSNTAY MLLSSLTSADSAVYYCATYGSYVSPLDYWGQGTSVTVSS
828.	MET-1 LH	인공	nt	GATATTATGATGAGTCAGTCCCCCAGCAGCCTGACCGTGTCCGTGGGCGA GAAGGTGACCGTGTCTTGCAAGAGCCAGAGCCTGCTGTACACCAGCA GCCAGAAGAACTATCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGAGCCA AAGCTGCTGATCTACTGGGCCAGCACCCGGGAGAGCGGAGTGCCCGACAG ATTCACCGGCAGCGGCTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATCACCAGCG

[1444]

[1445]

				TGAAGGCCGACGACCTGGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACTACGCCTAC
				CCCTGGACCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGGAGATCAAGGGTGGTGGTGG
				TTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGC
				AGAGCGGACCCGAGCTGGTGCGGCCAGGCGCCTCCGTGAAGATGAGCTGC
				AGGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAGCTACTGGCTGCACTGGGTGAAACA
				GAGACCTGGACAGGGACTGGAGTGGATCGGCATGATCGACCCCAGCAACA
				GCGACACCAGGTTCAACCCCAACTTCAAGGACAAGGCCACCCTGAACGTG
				GACAGGTCCAGCAACACCGCCTACATGCTGCTGTCCAGCCTGACCTCTGC
				CGACAGCGCCGTGTATTACTGTGCCACCTACGGCAGCTACGTGTCCCCC
				TGGACTACTGGGGCCAGGGCACCCTCTGTGACAGTGTCCTCC
829.	MET-1 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLQQSGPELVRPGASVKMSCRASGYTFTSYWLHWVKQRPGQGLEWIGMID
				PSNSDTRFNPNFKDKATLNVDRSSNTAYMLLSSLTSADSAVYYCATYGSYVS
				PLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIMMSQSPSSLTVSVGEKVTVS
				CKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFTGSGST
				DFTLTITSVKADDLAVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
830.	MET-1 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGCAGAGCGGACCCGAGCTGGTGCGGCCAGGCGCCTC
				CGTGAAGATGAGCTGCAGGGCCACCGGCTACACCTTCACCAGCTACTGGC
				TGCACTGGGTGAAACAGAGGACCTGGACAGGGACTGGAGTGGATCGGCATG
				ATCGACCCCAGCAACAGCGACACCAGGTTCAACCCCAACTTCAAGGACAA
				GGCCACCCTGAACGTGGACAGGTCCAGCAACACCGCCTACATGCTGCTGT
				CCAGCCTGACCTCTGCCGACAGCGCCGTGTATTACTGTGCCACCTACGGC
				AGCTACGTGTCCCCCCTGGACTACTGGGGCCAGGGCACCCTCTGTGACAGT
				GTCCTCCGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTGGTT
				CTGATATTATGATGAGTCAGTCCCCCAGCAGCCTGACCGTGTCCGTGGGC
				GAGAAGGTGACCGTGTCTTGCAAGAGCAGCCAGAGCCTGCTGTACACCAG
				CAGCCAGAAGAACTATCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGAGC
				CAAAGCTGCTGATCTACTGGGCCAGCACCCGGGAGAGCGGAGTGCCCGAC

[1446]

				AGATTCACGGCAGCGGCTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATCACCAG
				CGTGAAGGCCGACGACCTGGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACTACGCCT
				ACCCCTGGACCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGGAGATCAAGTCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
831.	MET-1 LH x I2C HL	인공	aa	DIMMSQSPSSLTVSVGEKVTVSCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLL
				IYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTITSVKADDLAVYYCQQYYAYPWTFG
				GGTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQQSGPELVRPGASVKMSCRASGYTF
				TSYWLHWVKQRPGQGLEWIGMIDPSNSDTRFNPNFKDKATLNVDRSSNTAY
				MLISSLTSADSAVYYCATYGSYVSPLDYWGQGTSVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
832.	MET-1 LH x I2C HL	인공	nt	GATATTATGATGAGTCAGTCCCCAGCAGCCTGACCGTGTCCGTGGGCGA
				GAAGGTGACCGTGTCTTGCAAGAGCAGCCAGAGCCTGCTGTACACCAGCA
				GCCAGAAGAACTATCTGGCTTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCCAGAGCCA

[1447]

				AAGCTGCTGATCTACTGGGCCAGCACCCGGGAGAGCGGAGTGCCCGACAG ATTTCACCGGCAGCGGCTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATCACCAGCG TGAAGGCCGACGACCTGGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACTACGGCCTAC CCCTGGACCTTCGGCGGAGGGACCAAGCTGGAGATCAAGGGTGGTGGTGG TTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGC AGAGCGGACCCGAGCCTGGTGCGGCCAGGCGCCTCCGTGAAGATGAGCTGC AGGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAGCTACTGGCTGCACTGGGTGAAACA GAGACCTGGACAGGGACTGGAGTGGATCGGCATGATCGACCCCAGCAACA GCGACACCAGGTTCAACCCCAACTTCAAGGACAAGGCCACCCTGAACGTG GACAGGTCCAGCAACACCGCCTACATGCTGCTGTCCAGCCTGACCTCTGC CGACAGCGCCGTGTATTACTGTGCCACCTACGGCAGCTACGTGTCCCCC TGGACTACTGGGGCCAGGGCACCTCTGTGACAGTGTCCTCCGGAGGTGGT GGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGG AGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGT ACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTT GCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTC AGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCT ATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGT GTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTG GGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCG GCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCT TCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTC GACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAC CAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC GGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCT CACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTC TATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTC CTA
			aa	KASQSVDYDGGSYMS
	MET-3 L-CDR1	인공	aa	AASNLES
	MET-3 L-CDR2	인공		
833.				
834.				

835.	MET-3 L-CDR3	인공	aa	QQSYEDPLT
836.	MET-3 H-CDR1	인공	aa	SYWIH
837.	MET-3 H-CDR2	인공	aa	EINPSSGRTNYNEKFKN
838.	MET-3 H-CDR3	인공	aa	RGY
839.	MET 4 L	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGINTWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASS LKSGVPSRFSGSGSGADFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGGTKVEIK
840.	MET-4 L-CDR1	인공	aa	RASQGINTWLA
841.	MET-4 L-CDR2	인공	aa	AASSLKS
842.	MET-4 L-CDR3	인공	aa	QQANSFPLT
843.	MET-4 L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA CAGAGTGACCATCACATGTAGAGCTAGCCAGGGCATCAACACCTGGCTGG CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTGATCTACGCC GCTTCCTCCCTGAAATCTGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGAAG CGGAGCGGACTTCACCCTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCG CCACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCCCTGACCTTCGGCGGA GGGACCAAGGTGGAGATCAAG
844.	MET-4 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCEASGYTFTSYGFSWVRQAPGQGLEWMGWI SASNGNTYYAQKLQGRVTMTTDTSTSSAYMELRSLRSDDTAVYYCARVYAD YADYWGQGTLVTVSS
845.	MET-4 H-CDR1	인공	aa	SYGFS

[1448]

846.	MET-4 H-CDR2	인공	aa	WISASNGNTYYAQKLQG
847.	MET-4 H-CDR3	인공	aa	VYADYADY
848.	MET-4 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGAGCGGCGCTGAGGTGAAGAAGCCAGGCGCCAG CGTCAAGGTGTCCTGCGAGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAGCTACGGCT TCAGCTGGGTGCGGCAGGCTCCTGGACAGGGACTGGAATGGATGGGCTGG ATCAGCGCCAGCAACGGCAACACCTACTACGCCCAGAAGCTGCAGGGCCG CGTCACCATGACCACCGACACCAGCACCAGCAGCGGCCTACATGGAGCTGA GAAGCCTGAGATCCGACGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGTGTAC GCCGACTACGGCTGACTACTGGGGCCAGGGCACCCTGGTGACAGTGTCTTC C
849.	MET-4 HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCEASGYTFTSYGFSWVRQAPGQGLEWMGWI SASNGNTYYAQKLQGRVTMTTDTSTSSAYMELRSLRSDDTAVYYCARVYAD YADYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSVSASVGDRVTIT CRASQGINTWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSLKSGVPSRFSGSGSGADFTLTIS SLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGGTKVEIK
850.	MET-4 HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGAGCGGCGCTGAGGTGAAGAAGCCAGGCGCCAG CGTCAAGGTGTCCTGCGAGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAGCTACGGCT TCAGCTGGGTGCGGCAGGCTCCTGGACAGGGACTGGAATGGATGGGCTGG ATCAGCGCCAGCAACGGCAACACCTACTACGCCCAGAAGCTGCAGGGCCG CGTCACCATGACCACCGACACCAGCACCAGCAGCGGCCTACATGGAGCTGA GAAGCCTGAGATCCGACGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGTGTAC GCCGACTACGGCTGACTACTGGGGCCAGGGCACCCTGGTGACAGTGTCTTC CGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA TCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGGTGGGGCGACAGA GTGACCATCACATGTAGAGCTAGCCAGGGCATCAACACCTGGCTGGCCTG GTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTGATCTACGCCGCTT CCTCCCTGAAATCTGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGAAGCGGA GCCGACTTCACCCTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCGCCAC

[1449]

[1450]

				CTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCCTGACCTTCGGCGGAGGGA
				CCAAGGTGGAGATCAAG
851.	MET-4 LH	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGINTWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASS
				LKSGVPSRFSGSGSGADFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGGTKVEIK
				GGGGSGGGGSGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCEASGYTFTSYGFSW
				VRQAPGQGLEWMGWISASNGNTYYAQKLQGRVTMTTDTSTSSAYMELRSLR
				SDDTAVYYCARVYADYWGQGTLVTVSS
852.	MET-4 LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA
				CAGAGTGACCATCACATGTAGAGCTAGCCAGGGCATCAACACCTGGCTGG
				CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTGATCTACGCC
				GCTTCCTCCCTGAAATCTGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGAAG
				CGGAGCCGACTTCACCCTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCG
				CCACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCCTGACCTTCGGCGGA
				GGGACCAAGGTGGAGATCAAGGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTC
				CGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTGCAGAGCGGCGCTGAGGTGA
				AGAAGCCAGGCGCCAGCGTCAAGGTGTCCTGCGAGGCCAGCGGCTACACC
				TTCACCAGCTACGGCTTCAGCTGGGTGCGGCAGGCTCCTGGACAGGGACT
				GGAATGGATGGGCTGGATCAGCGCCAGCAACGGCAACACCTACTACGCCC
				AGAAGCTGCAGGGCCGCGTCACCATGACCACCGACACCAGCACCAGCAGC
				GCCTACATGGAGCTGAGAAGCCTGAGATCCGACGACACCGCCGTGTACTA
				CTGCGCCAGGGTGTACGCCGACTACGCTGACTACTGGGGCCAGGGCACCC
				TGGTGACAGTGTCTTCC
853.	MET-4 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCEASGYTFTSYGFSWVRQAPGQGLEWMGWI
				SASNGNTYYAQKLQGRVTMTTDTSTSSAYMELRSLRSDDTAVYYCARVYAD
				YADYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSVSASVGDRVTIT
				CRASQGINTWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSLKSGVPSRFSGSGSGADFTLTIS
				SLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG
				SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK
				DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGT

[1451]

				LVTVSSGGGGSGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTS
				GNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPE
				DEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
854.	MET-4 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGAGCGGCGCTGAGGTGAAGAAGCCAGGCGCCAG
				CGTCAAGGTGTCCTGCGAGGCCAGCGGCTACACCTTCACCAGCTACGGCT
				TCAGCTGGGTGCGGCAGGCTCCTGGACAGGGACTGGAATGGATGGGCTGG
				ATCAGCGCCAGCAACGGCAACACCTACTACGCCCAGAAGCTGCAGGGCCG
				CGTCACCATGACCACCGACACCAGCACCAGCACGCGCTACATGGAGCTGA
				GAAGCCTGAGATCCGACGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGGTGTAC
				GCCGACTACGGCTGACTACTGGGGCCAGGGCACCCTGGTGACAGTGTCTTC
				CGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA
				TCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGACAGA
				GTGACCATCACATGTAGAGCTAGCCAGGGCATCAACACCTGGCTGGCCTG
				GTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTGATCTACGCCGCTT
				CCTCCCTGAAATCTGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGAAGCGGA
				GCCGACTTCACCCTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCGCCAC
				CTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCCTGACCTTCGGCGGAGGGA
				CCAAGGTGGAGATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTC
				GAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATG
				TGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCC
				AGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTTGCTCGCATAAGAAGTAAATAT
				AATAAATTATGCAACATATTATATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCAT
				CTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGA
				AAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAAACTTCGGT
				AATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCAC
				CGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTG
				GTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGT
				GGAACAGTCACACTCACTTGTGGCCTCCTGAACTGGGGGCTGTTACATCTGG
				CAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTC
				TAATAGGTGGACTAAGTTCCTGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCA
				GGCTCCCTGCTTGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCC

[1452]

				AGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACGCTGGG TGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
855.	MET-4 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGINTWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASS LKSGVPSRFSGSGSGADFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFPLTFGGGTKVEIK GGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCEASGYTFTSYGFSW VRQAPGQGLEWMGWISASNGNTYYAQKLQGRVTMTTDTSTSSAYMELRSLR SDDTAVYYCARVYADYWGQGTLVTVSSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGT LVTVSSGGGGSGGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTS GNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPE DEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
856.	MET-4 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA CAGAGTGACCATCACATGTAGAGCTAGCGGAGGCATCAACACCTGGCTGG CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTGATCTACGCC GCTTCCTCCCTGAAATCTGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGAAG CGGAGCCGACTTCACCCTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCG CCACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCCCTGACCTTCGGCGGA GGGACCAAGGTGGAGATCAAGGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTC CGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTGCAGAGCGGCGCTGAGGTGA AGAAGCCAGGCGCCAGCGTCAAGGTGTCCTGCGAGGCCAGCGGCTACACC TTCACCAGCTACGGCTTCAGCTGGGTGCGGCAGGCTCCTGGACAGGGACT GGAATGGATGGGCTGGATCAGCGCCAGCAACGGCAACACCTACTACGCCC AGAAGCTGCAGGGCCGCGTCACCATGACCACCGACACCAGCACCAGCAGC GCCTACATGGAGCTGAGAAGCCTGAGATCCGACGACACCGCCGTGTACTA CTGCGCCCAGGGTGTACGCCGACTACGCTGACTACTGGGGCCAGGGCACCC TGGTGACAGTGTCTTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAG TCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGC AGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGG CTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAT

[1453]

				AATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTC CAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAA CTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAT AGCTACATATCCTACTGGGCCTACTGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGT CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT CTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGA ACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAA CTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAA TAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGC TCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGA GGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGGCTGGGTGT TCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
857.	MET-5 L	인공	aa	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSNNYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASS RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDISPMYSFGQGTKLEM K
858.	MET-5 L-CDR1	인공	aa	RASQSVSNNYLA
859.	MET-5 L-CDR2	인공	aa	GASSRAT
860.	MET-5 L-CDR3	인공	aa	QQYDISPMYS
861.	MET-5 L	인공	nt	GAGATCGTGCTGACCCAGAGCCCAGGCACCCTGAGCCTGAGCCCAGGCGA GAGAGCCACCCTGAGCTGCAGAGCCAGCCAGAGCGTGTCCAACAACTATC TGGCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGGCTCCCAGACTGCTGATCTTC GGCGCCAGCTCTAGAGCCACCGGCATCCCCGACAGATTCAGTGGTAGCGG CTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATTTCCAGACTGGAACCCGAGGACT TCGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACGACATCAGCCCCATGTACAGCTTC GGCCAGGGCACCAAGCTGGAGATGAAG

862.	MET-5 H	인공	aa	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIY YSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGPLGYCS STSCPVTGEYYYGMDVWGQGTTVTVSS
863.	MET-5 H-CDR1	인공	aa	SGGYYWS
864.	MET-5 H-CDR2	인공	aa	YIYYSGSTYYNPSLKS
865.	MET-5 H-CDR3	인공	aa	DGPLGYCSSTSCPVTGEYYYGMDV
866.	MET-5 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGAGCGGGGCCTGGACTGGTGAAGCCCAGCCAGAC CCTGTCTCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCAGCATCAGCAGCGGCGGCT ACTACTGGTCCTGGATCAGGCAGCACCCAGGCAAGGGCCTGGAGTGGATC GGCTACATCTACTATTCTGGATCCACCTACTACAACCCCAGCCTGAAGTC CAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACCAGTTCAGCCTGAAGC TGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGCCGTGTATTATTGCGCCAGGGAC GGCCCACTGGGATATTGTTCCTCCACATCCTGCCCAGTGACCGGCGAGTA CTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGACAGGGCACCACCGTGACCGTGT CTTCC
867.	MET-5 HL	인공	aa	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIY YSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGPLGYCS STSCPVTGEYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPG TLSLSPGERATLSCRASQSVSNNYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATGIPDRF SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDISPMYSFGQGTKLEMK
868.	MET-5 HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGAGCGGGGCCTGGACTGGTGAAGCCCAGCCAGAC CCTGTCTCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCAGCATCAGCAGCGGCGGCT ACTACTGGTCCTGGATCAGGCAGCACCCAGGCAAGGGCCTGGAGTGGATC GGCTACATCTACTATTCTGGATCCACCTACTACAACCCCAGCCTGAAGTC CAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACCAGTTCAGCCTGAAGC TGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGCCGTGTATTATTGCGCCAGGGAC

[1454]

[1455]

				GGCCCACTGGGATATTGTTCCTCCACATCCTGCCCAGTGACCGGCCGAGTA
				CTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGACAGGGCACCACCGTGACCGTGT
				CTTCCGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCT
				GAGATCGTGCTGACCCAGAGCCCAGGCACCCTGAGCCTGAGCCCAGGCGA
				GAGAGCCACCCTGAGCTGCAGAGCCAGCCAGAGCGTGTCCAACAACTATC
				TGGCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGGCTCCCAGACTGCTGATCTTC
				GGCGCCAGCTCTAGAGCCACCGGCATCCCCGACAGATTCAGTGGTAGCGG
				CTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATTTCCAGACTGGAACCCGAGGACT
				TCGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACGACATCAGCCCCATGTACAGCTTC
				GGCCAGGGCACCAAGCTGGAGATGAAG
				EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSNNYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASS
869.	MET-5 LH	인공	aa	RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDISPMYSFGQGTKLEM
				KGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYWS
				WIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAAD
				TAVYYCARDGPLGYCSSTSCPVTGEYYYGMDVWGQGTTVTVSS
				GAGATCGTGCTGACCCAGAGCCCAGGCACCCTGAGCCTGAGCCCAGGCGA
				GAGAGCCACCCTGAGCTGCAGAGCCAGCCAGAGCGTGTCCAACAACTATC
				TGGCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGGCTCCCAGACTGCTGATCTTC
				GGCGCCAGCTCTAGAGCCACCGGCATCCCCGACAGATTCAGTGGTAGCGG
				CTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATTTCCAGACTGGAACCCGAGGACT
				TCGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACGACATCAGCCCCATGTACAGCTTC
				GGCCAGGGCACCAAGCTGGAGATGAAGGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGG
				CGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGGAGAGCGGGCCTG
				GACTGGTGAAGCCCAGCCAGACCCTGTCTCTGACCTGCACCGTGTCCGGC
				GGCAGCATCAGCAGCGGCGGCTACTACTGGTCCTGGATCAGGCAGCACCC
				AGGCAAGGGCCTGGAGTGGATCGGCTACATCTACTATTCTGGATCCACCT
				ACTACAACCCCAGCCTGAAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCAGC
				AAGAACCAGTTCAGCCTGAAGCTGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGC
				CGTGTATTATTGCGCCAGGGACGGCCCACTGGGATATTGTTCCTCCACAT
				CCTGCCCAGTGACCGGCGAGTACTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGA

[1456]

				CAGGGCACCACCGGTGACCGTGTCTTCC
871.	MET-5 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYWSWIRQHPGKGLEWIGYIY
				YSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDGPLGYCS
				STSCPVTGEYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPG
				TLSLSPGERATLSCRASQSVSNNYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASSRATGIPDRF
				SGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDISPMYSFGQGTKLEMKSGGGGSE
				VQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRS
				KYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNF
				GNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGG
				TVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSL
				LGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
872.	MET-5 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGCAGGAGAGCGGGCCTGGACTGGTGAAGCCCAGCCAGAC
				CCTGTCTCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCAGCATCAGCAGCGGCGCT
				ACTACTGGTCCTGGATCAGGCAGCACCCAGGCAAGGGCCTGGAGTGGATC
				GGCTACATCTACTATTCTGGATCCACCTACTACAACCCCAGCCTGAAGTC
				CAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACCAGTTCAGCCTGAAGC
				TGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGCCGTGTATTATTGCGCCAGGGAC
				GGCCCACTGGGATATTGTTCCTCCACATCCTGCCCAGTGACCGGCGGAGTA
				CTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGACAGGGCACCACCGTGACCGTGT
				CTTCCGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCT
				GAGATCGTGCTGACCCAGAGCCCAGGCACCCTGAGCCTGAGCCCAGGCGA
				GAGAGCCACCCTGAGCTGCAGAGCCAGAGCGTGTCCAACAACTATC
				TGGCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGGCTCCCAGACTGCTGATCTTC
				GGCGCCAGCTCTAGAGCCACCGGCATCCCCGACAGATTCAGTGGTAGCGG
				CTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATTTCCAGACTGGAACCCGAGGACT
				TCGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACGACATCAGCCCCATGTACAGCTTC
				GGCCAGGGCACCAAGCTGGAGATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGT
				GCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGA
				AACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAAC
				TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAG
				AAGTAAATATAAATAAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACA

[1457]

				GGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGG
				GAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGA
				CTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCC
				GGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGT
				ATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCA
				CCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGC
				CAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAG
				GGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGC
				AACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
873.	MET-5 LH x I2C HL	인공	aa	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSNNYLAWYQQKPGQAPRLLIFGASS
				RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYDISPMYSFGQGTKLEM
				KGGGGSGGGGSGGGGSQVQLQESGPGLVKPSQTLSLTCTVSGGSISSGGYYWS
				WIRQHPGKGLEWIGYIYYSGSTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAAD
				TAVYYCARDGPLGYCSSTSCPVTGEYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSEV
				QLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSK
				YNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFG
				NSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
				GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
874.	MET-5 LH x I2C HL	인공	nt	GAGATCGTGCTGACCCAGAGCCCAGGCACCCTGAGCCTGAGCCCAGGCGA
				GAGAGCCACCCTGAGCTGCAGAGCCAGCCAGAGCGTGTCCAACAACTATC
				TGGCTTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGGCTCCCAGACTGCTGATCTTC
				GGCGCCAGCTCTAGAGCCACCGGCATCCCCGACAGATTCAGTGGTAGCGG
				CTCCGGCACAGACTTCACCCTGACCATTTCCAGACTGGAACCCGAGGACT
				TCGCCGTGTACTACTGCCAGCAGTACGACATCAGCCCCATGTACAGCTTC
				GGCCAGGGCACCAAGCTGGAGATGAAGGGTGGTGGTTCTGGCGGCGG
				CGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGCAGGAGAGCGGGCCTG
				GACTGGTGAAGCCCAGCCAGACCCTGTCTCTGACCTGCACCGTGTCCGGC

[1458]

				GGCAGCATCAGCAGCGGCGGCTACTACTGGTCCTGGATCAGGCAGCACCC AGGCAAGGGCCTGGAGTGGATCGGCTACATCTACTATTCTGGATCCACCT ACTACAACCCCAGCCTGAAGTCCAGAGTGACCATCTCCGTGGACACCAGC AAGAACCAGTTCAGCCTGAAGCTGTCCAGCGTGACAGCCGCGGACACCGC CGTGTATTATTGCGCCAGGGACGGCCCACTGGGATATTGTTCCTCCACAT CCTGCCCAGTGACCGGCGAGTACTACTACTACGGCATGGACGTGTGGGGA CAGGGCACCACCGTGACCGTGTCTTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCA GCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAAC TCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGG GTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAG TAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGT TCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAAC AACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAA CTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTC TGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGT GGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATC ACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTA CATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCC CGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAG ATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGG TACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAAC CGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
875.	MET-6 L	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSL QSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQSEDFATYYCQQANSFPITFGPGTKVEIK
876.	MET-6 L-CDR1	인공	aa	RASQGISSWLA
877.	MET-6 L-CDR2	인공	aa	AASSLQS
878.	MET-6 L-CDR3	인공	aa	QQANSFPIT

[1459]

879.	MET-6 L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA CAGAGTGACCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGG CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTCCTGATCTATGCT GCTTCCAGCCTGCAGAGCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTC CGGCACAGACTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTCG CCACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCATCACCTTCGGCCCAG GCACCAAGGTGGAGATCAAG
880.	MET-6 H	인공	aa	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYGGWIRQPPGKGLDWIGSIYY SGNTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARHSWDYFDY WDQGTLVTVSS
881.	MET-6 H-CDR1	인공	aa	SSSYYGG
882.	MET-6 H-CDR2	인공	aa	SIYYSGNTYYNPSLKS
883.	MET-6 H-CDR3	인공	aa	HSWDYFDY
884.	MET-6 H	인공	nt	CAGCTCCAGCTCCAGGAGAGCGGGCCTGGACTGGTGAAGCCCAGCGAGAC ACTGAGCCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCAGCATCAGCAGCAGCAGCT ACTACGGCGGCTGGATCAGACAGCCACCCGGCAAAGGACTGGATTGGATC GGATCCATCTATTATAGTGGAAACACCTACTACAACCCCAGCCTGAAGTC CCGCGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACCAGTTCAGCCTGAAGC TGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGCAC AGCTGGGACTACTTCGACTACTGGGACCAGGGCACCCTGGTGACCGTGTC TTCC
885.	MET-6 HL	인공	aa	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYGGWIRQPPGKGLDWIGSIYY SGNTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARHSWDYFDY WDQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRAS QGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQS EDFATYYCQQANSFPITFGPGTKVEIK

[1460]

886.	MET-6 HL	인공	nt	CAGCTCCAGCTCCAGGAGAGCGGGCCTGGACTGGTGAAGCCCAGCGAGAC ACTGAGCCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCAGCATCAGCAGCAGCAGCT ACTACGGCGGCTGGATCAGACAGCCACCCGGCAAAGGACTGGATTGGATC GGATCCATCTATTATAGTGGAAACACCTACTACAACCCCAGCCTGAAGTC CCGCGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACCAGTTCAGCCTGAAGC TGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGCAC AGCTGGGACTACTTCGACTACTGGGACCAGGGCACCCTGGTGACCGTGTC TTCCGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTG ACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGAC AGAGTGACCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGGC CTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTCCTGATCTATGCTG CTTCCAGCCTGCAGAGCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTCC GGCACAGACTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTCGC CACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCATCACCTTCGGCCCAG GCACCAAGGTGGAGATCAAG
887.	MET-6 LH	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSL QSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQSEDFATYYCQQANSFPITFGPGTKVEIKG GGGSGGGGSGGGGSQLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYGGWIR QPPGKGLDWIGSIYYSGNTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAV YYCARHSWDYFDYWDQGTLVTVSS
888.	MET-6 LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA CAGAGTGACCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGG CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTCCTGATCTATGCT GCTTCCAGCCTGCAGAGCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTC CGGCACAGACTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTCG CCACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCATCACCTTCGGCCCAG GCACCAAGGTGGAGATCAAGGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCC GGTGGTGGTGGTTCTCAGCTCCAGCTCCAGGAGAGCGGGCCTGGACTGGT GAAGCCCAGCGGAGACACTGAGCCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCACA

[1461]

				TCAGCAGCAGCAGCTACTACGGCGGCTGGATCAGACAGCCACCCGGCAAA
				GGACTGGATTGGATCGGATCCATCTATTATAGTGGAAACACCTACTACAA
				CCCCAGCCTGAAGTCCCGCGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACC
				AGTTCAGCCTGAAGCTGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGCCGTGTAC
				TACTGCGCCAGGCACAGCTGGGACTACTTCGACTACTGGGACCAGGGCAC
				CCTGGTGACCGTGTCTTCC
889.	MET-6 HL x I2C HL	인공	aa	QLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYGGWIRQPPGKGLDWIGSIYY
				SGNTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARHSWDYFDY
				WDQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRAS
				QGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQS
				EDFATYYCQQANSFPITFGPGTKVEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKL
				SCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTI
				SRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTV
				SSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYP
				NWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAE
				YYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
890.	MET-6 HL x I2C HL	인공	nt	CAGCTCCAGCTCCAGGAGAGCGGGCCTGGACTGGTGAAGCCCAGCGAGAC
				ACTGAGCCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCAGCATCAGCAGCAGCAGCT
				ACTACGGCGGCTGGATCAGACAGCCACCCGGCAAAGGACTGGATTGGATC
				GGATCCATCTATTATAGTGGAAACACCTACTACAACCCCAGCCTGAAGTC
				CCGCGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACCAGTTCAGCCTGAAGC
				TGTCCAGCGTGACAGCCGCCGACACCGCCGTGTACTACTGCGCCAGGCAC
				AGCTGGGACTACTTCGACTACTGGGACCAGGGCACCCTGGTGACCGTGTC
				TTCCGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTG
				ACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGAC
				AGAGTGACCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGGC
				CTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTCCTGATCTATGCTG
				CTTCCAGCCTGCAGAGCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTCC
				GGCACAGACTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTCGC
				CACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCATCACCTTCGGCCCAG

[1462]

				GCACCAAGGTGGAGATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTG
				GTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTC
				ATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCC
				GCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAA
				TATAATAATTATATGCAACATATTATATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCAC
				CATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAAATGAACAACT
				TGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTC
				GGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGT
				CACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTG
				GTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCT
				GGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATC
				TGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTG
				GTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTC
				TCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACA
				GCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCT
				GGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
891.	MET-6 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSL
				QSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQSEDFATYYCQQANSFPITFGPGTKVEIKG
				GGGSGGGGSGGGGSQLQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSSSYYGWIR
				QPPGKGLDWIGSIYYSGNTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAV
				YYCARHSWDYFDYWDQGTLVTVSSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCA
				ASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRD
				DSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSG
				GGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNW
				VQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYC
				VLWYSNRWVFGGGTKLTVL
892.	MET-6 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA
				CAGAGTGACCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGG
				CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTCCTGATCTATGCT
				GCTTCCAGCCTGCAGAGCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTC

[1463]

				CGGCACAGACTTCACCCTGACCATCAGCTCCCTGCAGTCCGAGGACTTCG
				CCACCTACTACTGCCAGCAGGCCAACAGCTTCCCCATCACCTTCGGCCCAG
				GCACCAAGGTGGAGATCAAGGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCC
				GGTGGTGGTGGTTCTCAGCTCCAGCTCCAGGAGAGCGGGCCTGGACTGGT
				GAAGCCCAGCGGAGACACTGAGCCTGACCTGCACCGTGTCCGGCGGCAGCA
				TCAGCAGCAGCAGCTACTACGGCGGCTGGATCAGACAGCCACCCGGCAAA
				GGACTGGAGTTGGATCGGATCCATCTATTATAGTGGAAACACCTACTACAA
				CCCCAGCCTGAAGTCCCGGGTGACCATCTCCGTGGACACCAGCAAGAACC
				AGTTCAGCCTGAAGCTGTCCAGCGTGACAGCCGCGCCGACACCGCCGTGTAC
				TACTGCGCCAGGCACAGCTGGGACTACTTCGACTACTGGGACCAGGGCAC
				CCTGGTGACCGTGTCTTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTGG
				AGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGT
				GCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCA
				GGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATA
				ATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATC
				TCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAA
				AACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTA
				ATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACC
				GTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGG
				TTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTG
				GAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGC
				AACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCT
				AATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAG
				GCTCCCTGCTTGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCA
				GAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGT
				GTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
893.	MET-7 L	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVIITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSL
894.	MET-7 L-CDR1	인공	aa	RASQGISSWLA

895.	MET-7 L-CDR2	인공	aa	AASSLKS
896.	MET-7 L-CDR3	인공	aa	QQSNSLPWT
897.	MET-7 L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA CAGAGTGATCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGG CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTCATCTATGCT GCTTCCAGCCTGAAGTCCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTC CGGCACAGACTTCACCGTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCG CCACCTACTACTGCCAGCAGAGCAACAGCCTGCCCTGGACCTTCGGCCAG GGCACCAAGGTGGAGATCAAG
898.	MET-7 H	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYSMNWVRQAPGKGLEWVSYIS RSSTIYYADSVKGRFTMSRDNAKNSLYMQMNSLRDEDTAVYYCGYGDYDYFD YWGQGTLVTVSS
899.	MET-7 H-CDR1	인공	aa	RYSMN
900.	MET-7 H-CDR2	인공	aa	YISSRSSTIYYADSVKG
901.	MET-7 H-CDR3	인공	aa	GDYDYFDY
902.	MET-7 H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGCGGAGGACTGGTGCAGCCAGGCGGCAG CCTGAGACTGTCCTGTGCTGCTTCTGGATTCACCTTCAGCAGGTACAGCA TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCTGGTAAAGGACTGGAGTGGGTCTCCTAC ATCAGCAGCAGGTCCAGCACCATCTACTACGCCGACAGCGTGAAGGGCAG GTTCACCATGAGCAGGGACAACGCCAAGAACAGCCTGTACATGCAGATGA ACAGCCTGAGGGACGAGGACACCGCCGTGTACTACTGCGGCTACGGCGAC TACGACTACTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTGACCGTGTCTTC C
903.	MET-7 LH	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVIITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSL KSGVPSRFSGSGSGTDFTVTISSLQPEDFATYYCQQSNSLPWTFGQGTKVEIK

[1464]

[1465]

				GGGGSGGGGSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYSMNWV RQAPGKGLEWVSYISSRSSTIYYADSVKGRFTMSRDNAKNSLYMQMNSLRDED TAVYYCGYGDYDYFDYWGQGTLVTVSS
904.	MET-7 LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA CAGAGTGATCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGG CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTCATCTATGCT GCTTCCAGCCTGAAGTCCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTC CGGCACAGACTTCACCGTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCG CCACCTACTACTGCCAGCAGAGCAACAGCCTGCCCTGGACCTTCGGCCAG GGCACCAAGGTGGAGATCAAGGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCTGGCG GGAGTGGGTCTCCTACATCAGCAGCAGGTCCAGCACCATCTACTACGCCG CGGTGGTGGTTCTGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGCGGAGGACTGG ACAGCGTGAAGGGCAGGTTCACCATGAGCAGGGACAACGCCAAGAACAGC TGCAGCCAGGCGGCAGCCTGAGACTGTCCTGTGCTGCTTCTGGATTCACC CTGTACATGCAGATGAACAGCCTGAGGGACGAGGACACCGCCGTGTACTA CTGCGGCTACGGCGACTACGACTACTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCC TGGTGACCGTCTCTTCC
905.	MET-7 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSVSASVGDRVIITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASSL KSGVPSRFSGSGSGTDFTVTISSLQPEDFATYYCQQSNSLPWTFGQGTKVEIK GGGGSGGGGSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSRYSMNWV RQAPGKGLEWVSYISSRSSTIYYADSVKGRFTMSRDNAKNSLYMQMNSLRDED TAVYYCGYGDYDYFDYWGQGTLVTVSSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKL SCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTI SRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTV SSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYP NWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAE YYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
906.	MET-7 LH x I2C HL		nt	GACATCCAGATGACCCAGAGCCCCAGCAGCGTGTCTGCCAGCGTGGGCGA

[1466]

				CAGAGTGATCATCACCTGCAGAGCTTCCCAGGGCATCTCTAGCTGGCTGG
				CCTGGTATCAGCAGAAGCCCGGCAAGGCCCCCAAGCTGCTCATCTATGCT
				GCTTCCAGCCTGAAGTCCGGCGTGCCCAGCAGATTCAGCGGCAGCGGCTC
				CGGCACAGACTTCACCGTGACCATCAGCAGCCTGCAGCCCGAGGACTTCG
				CCACCTACTACTGCCAGCAGAGCAACAGCCTGCCCTGGACCTTCGGCCAG
				GGCACCAAGGTGGAGATCAAGGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTC
				CGGTGGTGGTGGTTCTGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGCGGAGGACTGG
				TGCAGCCAGGCGGCAGCCTGAGACTGTCCTGTGCTGCTTCTGGATTCACC
				TTCAGCAGGTACAGCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCTGGTAAAGGACT
				GGAGTGGGTCTCCTACATCAGCAGCAGGTCCAGCACCATCTACTACGCCG
				ACAGCGTGAAGGGCAGGTTCACCATGAGCAGGGACAACGCCAAGAACAGC
				CTGTACATGCAGATGAACAGCCTGAGGGACGAGGACACCGCCGTGTACTA
				CTGCGGCTACGGCGACTACGACTACTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCC
				TGGTGACCGTGTCTTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAG
				TCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGC
				AGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGG
				CTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAT
				AATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTC
				CAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAA
				CTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAAACTTCGGTAAT
				AGCTACATATCCTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGA
				ACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAA
				CTACCCAAACTGGGTCCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAA
				TAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGC
				TCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGA
				GGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGT
				TCGGTGGAGGAAACCAAACTGACTGTCCTA
			aa	RASQNVGTAVA
			aa	SASNRYT
		인공		
		인공		
	ENSI L-CDR1			
	ENSI L-CDR2			
907.				
908.				

909.	ENSI L-CDR3	인공	aa	QQYTNYPMYT	
910.	ENSI H-CDR1	인공	aa	DYVIH	
911.	ENSI H-CDR2	인공	aa	YINPYDDDTTYNQKFKG	
912.	ENSI H-CDR3	인공	aa	RGNSYDGYFDYSMDY	
913.	인간 엔도시알린	인공	nt	ATGCTGCTGCGCCTGTTGCTGGCCTGGGCGGCCGCAGGAGCCCACACTGGG	
				CCAGGACCCCTGGGCTGCTGAGCCCCGTGCCGCCTGCGGCCCCAGCAGCT	
				GCTACGCTCTCTTCCCACGGCGCCGCACCTTCCTGGAGGCCTGGCGGGCC	
				TGCCGCGAGCTGGGGGGCGACCTGGCCACTCCTCGGACCCCCGAGGAGGC	
				CCAGCGTGTGGACAGCCTGGTGGTGCGGGCCCAGCCAGCCGGCTGCTGT	
				GGATGGGCTGCAGCGGCAGGCCCGGCAATGCCAGCTGCAGCGCCCACTG	
				CGCGGCTTCACGTGGACCACAGGGACCAGGACACGGCTTTCACCAACTG	
				GGCCCAGCCAGCCTCTGGAGGCCCCTGCCCGGCCCAGCGCTGTGTGGCCC	
				TGGAGGCAAGTGGCGAGCACCGCTGGCTGGAGGGCTCGTGCACGCTGGCT	
				GTCGACGGCTACCTGTGCCAGTTTGCTTCGAGGGCGCCTGCCCGCGCT	
				GCAAGATGAGGCGGGCCAGGCCGGCCCAGCCGTGTATACCACGCCCTTCC	
				ACCTGGTCTCCACAGAGTTTGAGTGGCTGCCCTTCGGGCTCTGTGGCCGCT	
				GTGCAGTGCCAGGCTGGCAGGGAGCCCTCTCTGCTCTGCGTGAAGCAGCC	
				TGAGGGAGGTGTGGGCTGGTCACGGGCTGGGCCCCTGTGCCTGGGGACTG	
				GCTGCAGCCCTGACAACGGGGGCTGCGAACACGAATGTGTGGAGGAGGTG	
				GATGGTCACGTGTCCTGCCGCTGCACTGAGGGCTTCCGGCTGGCAGCAGA	
				CGGGCGCAGTTGCGAGGACCCCCTGTGCCCAGGCTCCGTGCGAGCAGCAGT	
				GTGAGCCCGGTGGGCCACAAGGCTACAGCTGCCACTGTCGCCTGGGTTTC	
				CGGCCAGCGGAGGATGATCCGCACCGCTGTGTGGACACAGATGAGTGCCA	
				GATTGCCGGTGTGTGCCAGCAGATGTGTGTCAACTACGTTGGTGGCTTCG	
				AGTGTTATTGTAGCGAGGGACATGAGCTGGAGGCTGATGGCATCAGCTGC	
				AGCCCTGCAGGGGCCATGGGTGCCCAGGCTTCCCAGGACCTCGGAGATGA	
				GTTGCTGGATGACGGGGAGGATGAGGAAGATGAAGACGAGGCCTGGAAGG	
				CCTTCAACGGTGGCTGGACGGAGATGCCTGGGATCCTGTGGATGGAGCCT	
				ACGCAGCCGCCTGACTTTGCCCTGGCCTATAGACCGAGCTTCCCAGAGGA	
				CAGAGAGCCACACAGATACCCTACCCGGAGCCCACCTGGCCACCCCCGCTCA	
				GTGCCCCCAGGGTCCCCTACCACTCCCTCAGTGCTCTCCGTCACCCGGCCT	
				GTGGTGGTCTCTGCCACGCATCCCACACTGCCTTCTGCCCACCAGCCTCC	

[1467]

				TGTGATCCCTGCCACACACCCAGCTTTGTCCCGTGACCACCAGATCCCCG
				TGATCGCAGCCAACTATCCAGATCTGCCTTCTGCCTACCAACCCGGTATT
				CTCTCTGTCTCTCATTCAGCACAGCCTCCTGCCCACCAGCCCCCTATGAT
				CTCAACCAAATATCCGGAGCTCTTCCCTGCCCACCAGTCCCCCATGTTTC
				CAGACACCCGGGTCGCTGGCACCCAGACCACCACTCATTTGCCTGGAATC
				CCACCTAACCATGCCCCTCTTGGTCACCACCCTCGGTGCCCAGCTACCCCC
				TCAAGCCCCAGATGCCCTTGTCCTCAGAACCCAGGCCACCCAGCTTCCCA
				TTATCCCAACTGCCCAGCCCTCTCTGACCACCACCTCCAGGTCCCCTGTG
				TCTCCTGCCCATCAAATCTCTGTGCCTGCTGCCCACCCAGCCCGCAGCCCT
				CCCCACCCTCCTGCCCTCTCAGAGCCCCCACTAACCAGACCTCACCCATCAG
				CCCTACACATCCCCATTCCAAAGCCCCCCCAAATCCCAAGGGAAGATGGCC
				CCAGTCCCAAGTTGGCCCTGTGGCTGCCCTCACCAGCTCCCCACAGCAGCC
				CCAACAGCCCTGGGGGAGGCTGGTCTTTGCCGAGCACAGCCAGAGGGATGA
				CCGGTGGCTGCTGGTGGCACACTCCTGGTGCCAACGTGTGTCTTTTTGGTGG
				TCCTGCTTGCACTGGGCATCGTGTACTGCACCCGCTGTGGCCCCCATGCA
				CCCAACAAGCGCATCACTGACTGCTATCGCTGGGTCATCCATGCTGGGAG
				CAAGAGCCCAACAGAACCCATGCCCCCCAGGGGCAGCCTCACAGGGGTGC
914.	인간 엔도시알린	인공	aa	AGACCTGCAGAACCAGCGTGGACTACAAAGATGATGACGATAAGTGA
				MLLRLLLAWAAAGPTLGQDPWAAEPRAACGPSSCYALFPRRRTFLEAWRACR
				ELGGDLATPRTPEEAQRVDSLVGAGPASRLLWIGLQRQARQCQLQRPLRGFT
				WTTGDQDTAFTNWAQPASGGPCPAQRCVALEASGEHRWLEGSCTLAVDGYL
				CQFGFEGACPALQDEAGQAGPAVYTTPFHLVSTEFEWLPFGSVAAVQCQAG
				RGASLLCVKQPEGGVGWSRAGPLCLGTGCSPDNGGCEHECVEEVDGHVSCR
				CTEGFRLAADGRSCEDPCAQAPCEQQCEPGGPQGYSCHCRLGFRPAEDDPHR
				CVDTDECQIAGVCQQMCVNYVGGFECYCSEGHELEADGISCSPAGAMGAQAS
				QDLGDELLDDGEDEEDEDEAWKAFNGGWTEMPGILWMEPTQPPDFALAYRP
				SFPEDREPQIPYPEPTWPPPLSAPRVPYHSSVLSVTRPVVVSATHPTLPSAHQ
				PPVIPATHPALSRDHQIPVIAANYPDLPSAYQPGILSVSHSAQPPAHQPPMISTK
				YPELFPAHQSPMFPDTRVAGTQTTTHLPGIPPNHAPLVTTLGAQLPPQAPDA
				LVLRTQATQLPIIPTAQPSLTTTSRSPVSPAHQISVPAATQPAALPTLLPSQSP
				TNQTSPISPTHPHSKAPQIPREDGPSPKLALWLPSPAPTAAPTTALGEAGLAEH
				SQRDDRWLLVALLVPTCVFLVVLLALGIVYCTRCGPHAPNKRITDCYRWVIHA

[1468]

[1469]

915.	짧은꼬리 원숭이 엔도시알린	인공	nt	GSKSPTEPMPPRGSLTGVQTCRTSVDYKDDDDK
				ATGCTGCTGCGCCTGTTGCTGGCCTGGGCGGCGCAGGGCCCACACTGGG
				CCAGGACCCCTGGGCTGCTGAGCCCCGCTCCGCCTGCGGCCCCAGCAGCT
				GCTACGCTCTCTTTCCACGGCGCCGCACCTTTCTGGAGGCCTGGCGGCC
				TGCCGCGAGCTGGGGGGCGACCTGGCCACTCCTCGGACCCCCGAGGAGC
				CCAGCGTGTGGACAACCTGGTGGGTGCAGGCCCGGCCAGCCGGCTGCTGT
				GGATCGGCCTGCAGCGGCAGGCCCGGCAATGCCAGCTGCAGCGGCCACTG
				CGAGGCTTCACGTGGACCACAGGGACCAGGACACGGCTTTCACCAACTG
				GGCCCAGCCAGCCACTGGAGGCCCCTGCCCGGCCCAGCGCTGTGTGGCCC
				TGGAGGCGAGTGGCGAGCACCGCTGGCCTGGAGGGCTCATGCACGCTGGCT
				GTCGACGGCTACTTGTGCCAGTTTGGCTTCGAGGGTGCCTGCCCAGCGCT
				GCAAGACGAAGCGGGCCAGGCCGCCCAGCCGTCTATACCACGCCCTTCC
				ACCTGGTCTCCACAGAGTTTGAGTGGCTACCCTTCGGCTCTGTGGCCGCT
				GTGCAGTGCCAGGCTGGCAGGGAGCCTCTCTGCTCTGGGTGAAGCAGCC
				CGAGGGAGGTGTGGGCTGGTCACGGGCAGGGCCCCTGTGCCTGGGGGCTG
				GCTGCAGCCCTGACAACGGGGGCTGCGAACACGAATGTGTGGAGGAGGTG
				GATGGTCACGTGTCCTGCCGCTGCACTGAGGGCTTCCGGCTGGCAGCAGA
				CGGGCGCAGTTGCGAGGATCCCTGTGCCCAGGCTCCATGCGAGCAGCAGT
				GTGAGCCCGGTGGGCCACAAGGCTACAGCTGCCACTGTCGCCTGGGTTTC
				CGACCTGCAGAGGATGATCCGCACCGCTGTGTGGACACAGATGAGTGCCA
				GATTGCCGGTGTGTGCCAGCAGATGTGTGTCAACTACGTTGGTGGCTTCG
				AGTGTTATTGTAGTGAGGGTCATGAGCTGGAGGCTGATGGCATCAGCTGC
				AGCCCTGCAGGGGCCATGGGTGCCCGGGCTTCCCAGGACCTCGGAGATGA
				GTTGCTGGATGATGGGGAGGATGAGGAAGATGAAGACGAGGCCTGGGAG
				GCCTTTGGCGGTGGCTGGACGGAGATGCCTGGGATCCTGTGGATGGAGCC
				TACTCAGCCGCCTGACTTTGCCCTGGCCTATAGACCGAGCTTCCCAGAGG
				ACAGAGAGCCACAGATACCCTACCCGGAGCCCACCTGGCCGCCCCCGCTC
				AGTGCCCCCAGGGTCCCCTACCACTCCTCAGTGCTCTCCGTCACCCGGCC
				TGTGGTGGTCTCTGCCACGCGCCCACACTGCCTTCCGCCCACCAGCCTC
				CTGTGATCCCTGCCACACCCAGCTTTGTCCCGTGACCACCAGATCCCC
				GTGATCGCAGCCAACTATCCAGATCTGCCTTCTGCCTACCAACCCGGTAT
				TCTCTCTGTCTCTCATCCAGCACAGCCCCCTGCCCACCAGCCCCCCATGA

				TCTCAACCAGATATCCTGAGCTGTTCCCTGCCCACCAGTCCCCCATGTTT
				CCAGACACCCAGGTCGCTGGCACCCAGACCACCACTCATTTGCCTGCAAT
				CCCACCTAACCGTGCCCCTCTGGTCACCACACTCGGTGCCCATCAACCCC
				CTCAAGCCCCAGATGCCCCTGTCCTCAGAACCCAGGCTACCCAGCTTCCC
				ATTATCCCTACTGCCCAGCCGTCTCTGACCACCAGCTCCAGGTCCCCTGT
				GTCTCCTGCCCATCAAGTCTCTGTGCCTGCTGCCACCCAGCCCCCAGCCC
				TCCCCACCCTCCTGCCCTCTCAGAGCCCCACTAACCAGACCTCACCCATCA
				GCCCTACACATCCCCATTCCAAAGTCCCCCCAAATCCCAAGGGAAGATGGC
				CCCAGTCCCAAGCTGGCCCTGTGGCTGCCCTCAGCAGCTCCCCACAGCAGC
				CCCAACAGCCCTGGGGGAGGCTAGTCTTGCCGAGCACATCCAGAGGGATG
				ACCGGTGGCTTCTGGTGGCACTCCTCGTGCCAAGGTGTGTCTTTTTGGTG
				GTCCTGCTTGCACTGGGCATTGTGTACTGCACCCGCTGTGGCCCCCATGC
				ACCCAACAAGCGCATCACTGACTGCTATCGCTGGGTCACCCATGCTGGGA
				GCAAGAGTCCAACAGAACCCATGCCCCCCAGGGGCAGCCTCACAGGGGTG
				CAGACCTGCCAGAACCAGCGTGGACTACAAAGATGATGACGATAAGTGA
916.	짧은꼬리 원숭이 엔도시알린	인공	aa	MLLRLLLAWAAAGPTLGQDPWAAEPRSACGPSSCYALFPRRRTFLEAWRACR
				ELGGDLATPRTPEEAQRVDNLVGAGPASRLLWIGLQRQARQCQLQRPLRGFT
				WTTGDQDTAFTNWAQPATGGPCPAQRCVALEASGEHRWLEGSCTLAVDGY
				LCQFGFEGACPALQDEAGQAGPAVYTTPFHLVSTEFEWLPFGSVAAVQCQAG
				RGASLLCVKQPEGGVGWSRAGPLCLGAGCSPDNGGCEHECVEEVDGHVSCR
				CTEGFRLAADGRSCEDPCAQAPCEQQCEPGGPQGYSCHCRLGFRPAEDDPHR
				CVDTDECQIAGVCQQMCVNYVGGFECYCSEGHELEADGISCSPAGAMGARAS
				QDLGDELLDDGEDEEDEDEAWEAFGGGWTEMPGILWMEPTQPPDFALAYRP
				SFPEDREPQIPYPEPTWPPPLSAPRVPYHSSVLSVTRPVVVSATRPTLPSAHQ
				PPVIPATHPALSRDHQIPVIAANYPDLPSAYQPGILSVSHPAQPPAHQPPMISTR
				YPELFPAHQSPMFPDTQVAGTQTTTHLPAIPPNRAPLVTTLGAHQPPQAPDA
				PVLRTQATQLPIIPTAQPSLTTSSRSPVSPAHQVSVPAATQPPALPTLLPSQSP
				TNQTSPISPTHPHSKVPQIPREDGPSPKLALWLPSAAPTAAPTALGEASLAEHI
				QRDDRWLLVALLVPTCVFLVVLLALGIVVCTRCGPHAPNKRITDCYRWVTHA
				GSKSPTEPMPPRGSLTGVQTCRTSVDYKDDDDK
917.	천방향 프라이머	인공	nt	ATATGAATTCGCCACCATGCTGCTGCCGCCTGTTGCTGGCC
918.	역방향 프라이머	인공	nt	GTCTTCATCTTCCTCATCCTCCCC

[1470]

919.	천방향 프라이머	인공	nt	GTCAACTACGTTGGTGGCTTCGAGTG	
920.	역방향 프라이머	인공	nt	GGTCTAGATCACTTATCGTCATCATCTTTGTAGTCCACGCTGGTTCTGCA GGTCTGC	
921.	프라이머 5' ED-VH-A-XhoI	인공	nt	CCAGCTCTCGAGTCAGGASCTGAGSTGRWGAAGCCTGGGGCTTCAGTGAA GRTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACT	
922.	프라이머 3' ED-VH-B	인공	nt	AAT ATA TCC MAT CCA CTC AAG GCK CTK TCC AKK TSY CTG CYT CAY CCA GTG TAT AAC ATA GTC AGT GAA TGT GTA TCC AGA	
923.	프라이머 5' ED-VH-C	인공	nt	CTT GAG TGG ATK GGA TAT ATT AAT CCT TAT GAT GAT GAT ACTA CC TAC AAC CAG AAG TTC AAG GGC	
924.	프라이머 3' ED-VH-D	인공	nt	T GAG CTS CAT GTA GGC TGT GYT GGM GGA TKT GWC TMS AGT MAW TGT GRC CYG GCC CTT GAA CTT CTG GTT	
925.	프라이머 5' ED-VH-E	인공	nt	C ACA GCC TAC ATG SAA CTC ARC AGC CTG ASA TCT GAG GAC ACT GCA GTC TAT TAC TGT GCA AGA AGG GGG	
926.	프라이머 3' ED-VH-F-BstEII	인공	nt	CCT GAT GGT GAC CAA GGT TCC TTG ACC CCA GTA GTC CAT AGA ATA GTC GAA GTA ACC ATC ATA GGA GTT CCC CCT TCT TGC ACA GTA	
927.	프라이머 5' ED-VL-A-SacI	인공	nt	CCA GTC GAG CTC CAG CTG ACC CAG TCT CMA ARM TTC MTG TCC RCA TCA GTA GGA GAC AGA GTC NNS ATC ACC TGC AGG GCC AG	
928.	프라이머 3' ED-VL-B	인공	nt	TCC TGG TTT CTG TTG ATA CCA GGC TAC AGC AGT ACC CAC ATT CTG ACT GGC CCT GCA GGT GAT	
929.	프라이머 5' ED-VL-C	인공	nt	TAT CAA CAG AAA CCA GGA MAA KCC CCT AAA TTA CTG ATT TACT CG GCA TCG AAT CGG TAC ACT GGA GTC CCT	
930.	프라이머 3' ED-VL-D	인공	nt	GCT GAT GGT GAG AGT GAA MTC TGT CCC AGA TCC ACT GCC TGA GAA GCG AYY AGG GAC TCC AGT GTA CCG	
931.	프라이머 5' ED-VL-E	인공	nt	TTC ACT CTC ACC ATC AGC ART MTG CAG YCT GAA GAC YTS GCA RMT TAT TWC TGC CAG CAA TAT ACC AAC	
932.	프라이머 3' ED-VL-F-BsiWI/SpeI	인공	nt	CCT GAT ACT AGT CGT ACG TTT TAT TTC CAG CTT GGT CCC CTG TCC AAA CGT ATA CAT GGG ATA GTT GGT ATA TTG CTG GCA	
933.	Flag-tag	인공	nt	DYKDDDDK	
934.	Ep 5-10 VL	인공	aa	ELVMTQSPSSLTVTAGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQPPK LLIYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLAVYYCQNDYSYPLTF GAGTKLEIK	

[1471]

935.	Ep 5-10 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
936.	Ep 5-10 LCDR2	인공	aa	WASTRES
937.	Ep 5-10 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
938.	Ep 5-10 VL	인공	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCCTGACTGTGACAGCAGGAGA GAAGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCACAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTG TGCAGGCTGAAGACCTGGCAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTGCTGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
939.	Ep 5-10 HL	인공	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKASGYAFTNYWLGWVKQRPGHGLEWIGDIF PGSGNIHYNEKFKGKATLTADKSSSTAYMQLSSLTFEDSAVYFCARLRNWDE PMDYWGQGTTVTVSS
940.	Ep 5-10 HCDR1	인공	aa	NYWLG
941.	Ep 5-10 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
942.	Ep 5-10 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
943.	Ep 5-10 HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGAC TTCAGTGAAGATATCCTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCACTAACTACT GGCTAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGACTTGAGTGGATTGGA GATATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGG CAAAGCCACACTGACTGCAGACAAATCTTCGAGCACAGCCTATATGCAGC TCAGTAGCCTGACATTTGAGGACTCTGCTGTCTATTTCTGTGCAAGACTG AGGAACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCAC CGTCTCCTCC
944.	Ep 5-10 LH x I2C HL	인공	aa	ELVMTQSPSSLTVTAGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQPPK LLIYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLAVYYCQNDYSYPLTF GAGTKLEIKGGGSGGGSGGGSGGSEVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKASGYA FTNYWLGWVKQRPGHGLEWIGDIFPGSGNIHYNEKFKGKATLTADKSSSTAY

[1472]

[1473]

			MQLSSLTFEDSAVYFCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQLVES
			GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
			ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
			YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT
			CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA
			ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
945.	Ep 5-10 LH x I2C HL	인공	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCCTGACTGTGACAGCAGGAGA
				GAAGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCACAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTG
				TGCAGGCTGAAGACCTGGCAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTGCTGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGGTGCAGCTGCTC
				GAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGACTTCAGTGAAGATATC
				CTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCACTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAA
				AGCAGAGGCCTGGACATGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGA
				AGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAAGCCACACTGAC
				TGCAGACAAATCTTCGAGCACAGCCTATATGCAGCTCAGTAGCCTGACAT
				TTGAGGACTCTGCTGTCTATTTCTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAG
				CCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGC
				CTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAAT
				AAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATG
				GGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCG
				ATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTA
				CTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTT
				ACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCT
				GGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTAGACTGTTGTGACTCAGGA
				ACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCT
				CCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAA

[1474]

				AAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGC
				CCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTG
				CCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGT
				GTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGAC
				TGTCCTA
946.	Ep 5-10 LH x H2C HL	인공	aa	ELVMTQSPSSLTVTAGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQPPK
				LLIYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLAVYYCQNDYSYPLTF
				GAGTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSEVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKASGYA
				FTNYWLGWVKQRPGHGLEWIGDIFPGSGNHHYNEKFKGKATLTADKSSSTAY
				MQLSSLTFEDSAVYFCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVES
				GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
				ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLJT
				CGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA
				ALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
947.	Ep 5-10 LH x H2C HL	인공	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCCTGACTGTGACAGCAGGAGA
				GAAGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCACAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTG
				TGCAGGCTGAAGACCTGGCAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTGCTGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGGTGCAGCTGCTC
				GAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGACTTCAGTGAAGATATC
				CTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCACTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAA
				AGCAGAGGCCTGGACATGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGA
				AGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAAGCCACACTGAC
				TGCAGACAAATCTTCGAGCACAGCCTATATGCAGCTCAGTAGCCTGACAT
				TTGAGGACTCTGCTGTCTATTTCTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAG
				CCTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGC

			CTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAAT
			AAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATG
			GGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATTATGCAACATATTATGCCG
			ATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAACACT
			GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTA
			CTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTT
			ACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCT
			GGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGA
			ACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCT
			CCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAACTGGGTCCAACAA
			AAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGC
			CCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTG
			CCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGT
			GCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGAC
			TGTCCTA
948.	Ep 5-10 LH x F12Q HL	인공	aa	ELVMTQSPSSLTVTAGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQPPK
				LLIYWASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLAVYYCQNDYSYPLTF
				GAGTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSEVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKASGYA
				FTNYWLGWVKQRPGHGLEWIGDIFPGSGNIHYNEKFKGKATLTADKSSSTAY
				MQLSSLTFEDSAVYFCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVES
				GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
				ATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYV
				SWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVT
				LTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGG
				KAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
949.	Ep 5-10 LH x F12Q HL	인공	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCCTGACTGTGACACAGCAGGAGA
				GAAGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCACAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTG
				TGCAGGCTGAAGACCTGGCAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTGCTGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG

[1475]

				GTTCTGAGGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGGTGCAGCTGCTC
				GAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGACTTCAGTGAAGATATC
				CTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCACTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAA
				AGCAGAGGCCTGGACATGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGA
				AGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAAGCCACACTGAC
				TGCAGACAAATCTTCGAGCACAGCCTATATGCAGCTCAGTAGCCTGACAT
				TTGAGGACTCTGCTGTCTATTTCTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAG
				CCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGG
				TGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGC
				CTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAAT
				AGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATG
				GGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCG
				ATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACT
				GCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTA
				CTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTTTCCTGGTGGGCTT
				ACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCT
				GGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGA
				ACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCT
				CCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAA
				AAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTGC
				CCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTG
				CCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGT
				GTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGAC
950.	hEp 14-A1 L	인공	aa	TGTCCTA
				DIVMTQTPLSLPVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIK
951.	hEp 14-A1 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
952.	hEp 14-A1 LCDR2	인공	aa	WASTRES
953.	hEp 14-A1 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT

[1476]

954.	hEp 14-A1 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCCTGTCACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCAGTG TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
	hEp 14-A1 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKISCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWIGDIF PGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDE PMDYWGQGTTVTVSS
956.	hEp 14-A1 HCDR1	인공	aa	NYWLG
957.	hEp 14-A1 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
958.	hEp 14-A1 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
959.	hEp 14-A1 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGATATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
960.	hEp 14-A1 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLLI YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKISCKASGYTFSN YWLGWVRQAPGQGLEWIGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELS SLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESGGGL VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL

[1477]

961.	hEp 14-A1 LH x I2C HL	인공	nt	SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCCTGTGACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCAGTG TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGATATCCTG CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGAAGT GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA

[1478]

962.	hEp 14-D2 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
963.	hEp 14-D2 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
964.	hEp 14-D2 LCDR2	인공	aa	WASTRES
965.	hEp 14-D2 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
966.	hEp 14-D2 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTCACACCAGGAGA GCAGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
967.	hEp 14-D2 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWMGDI FPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD EPMDYWGQGTTVTVSS
968.	hEp 14-D2 HCDR1	인공	aa	NYWLG
969.	hEp 14-D2 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
970.	hEp 14-D2 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
971.	hEp 14-D2 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
972.	hEp 14-D2 LH x	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPQLL

[1479]

	I2C HL			IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYM
				ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
973.	hEp 14-D2 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GCAGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC

[1480]

				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
974.	hEp 14-H8 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPASISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPKLL
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACACTCACTTGTGGCTCCT
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA
975.	hEp 14-H8 LCDR1	인공	aa	GTKLEIK
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				KSSQSLLNSGNQKNYLT
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
976.	hEp 14-H8 LCDR2	인공	aa	WASTRES
				TCAGCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
977.	hEp 14-H8 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
978.	hEp 14-H8 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				CCTA
				GCCGGCCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
979.	hEp 14-H8 H	인공	aa	QVQLVQSGAELKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQTPGQGLEWMGDI
				FPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARLRNWDE
				PMDYWGQGTTVTVSS
980.	hEp 14-H8 HCDR1	인공	aa	NYWLG
981.	hEp 14-H8 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
982.	hEp 14-H8 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
983.	hEp 14-H8 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGCTGAAAAAGCCTGGGTCTTC

[1481]

[1482]

				AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC
				TAGGTTGGGTAAGGCAGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT
				ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG
				AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA
				GTAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG
				AACTGGGACGAGCCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACCGGTCACCGT
				CTCCTCC
984.	hEp 14-H8 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPASISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPKLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAELKKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQTPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYM
				ELSSLRSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
985.	hEp 14-H8 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGCCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGCTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGAGATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG

[1483]

				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGC GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTAGACTGTTGTGACTCAGGAACC TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT CTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
986.	hEp 14-A6 L	인공	aa	DIVMTQTPFSLTVTPGETVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
987.	hEp 14-A6 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
988.	hEp 14-A6 LCDR2	인공	aa	WASTRES
989.	hEp 14-A6 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
990.	hEp 14-A6 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GACGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCAGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
991.	hEp 14-A6 H	인공	aa	QVQLVQSGAELVKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWIGDIF

					PGSGNIHYNEKFKGKVTITADKSTSTAYMELSSLRFEDTAVYYCARLRNWDE
992.	hEp 14-A6 HCDR1	인공	aa	NYWLG	PMDYWGQGTTVTVSS
993.	hEp 14-A6 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG	
994.	hEp 14-A6 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY	
995.	hEp 14-A6 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAA AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGAGATTTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
996.	hEp 14-A6 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPFSLTVTPGETVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGSQVQLVQSGAELVKPGSSVKVSCKASGYTFS NYWLGWVRQAPGQGLEWIGDIFPGSGNIHYNEKFKGKVTITADKSTSTAYME LSSLRFEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESGG GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
997.	hEp 14-A6 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GACGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCAGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG

[1484]

				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGAGATTTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA
				CCAGGTCAGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGACTAAGTTCCTCGCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
998.	hEp 14-D1 L	인공	aa	DIVMTQTPFSLTVTPGEPASISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQPPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVAVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
999.	hEp 14-D1 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1000.	hEp 14-D1 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1001.	hEp 14-D1 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT

[1485]

1002.	hEp 14-D1 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGCCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCGGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGCAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1003.	hEp 14-D1 H	인공	aa	QVQLVQSGAELKKPGSSVKISCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIF
				PGSGNIHYNEKFKGRVTLTADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDE
				PMDYWGQGTTVTVSS
1004.	hEp 14-D1 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1005.	hEp 14-D1 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1006.	hEp 14-D1 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1007.	hEp 14-D1 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGCTGAAAAAGCCTGGGTCTTC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC
				TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT
				ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG
				AGTCACACTCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA
				GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG
				AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCC
1008.	hEp 14-D1 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPFSLTVTPGEPASISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQPPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVAVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAELKKPGSSVKISCKASGYTFSN
				YWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTLTADKSTSTAYME
				LSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL

[1486]

1009.	hEp 14-D1 LH x I2C HL	인공	nt	TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
				GACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGCCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGCAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGCTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGATATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACACTCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATTATGCAACATATTATATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA

[1487]

1010.	hEp 14-G6 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
1011.	hEp 14-G6 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1012.	hEp 14-G6 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1013.	hEp 14-G6 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1014.	hEp 14-G6 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1015.	hEp 14-G6 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWMGDI FPGSGNIHYNEKFKGRATITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD EPMDYWGQGTTVTVSS
1016.	hEp 14-G6 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1017.	hEp 14-G6 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1018.	hEp 14-G6 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1019.	hEp 14-G6 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGCCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
1020.	hEp 14-G6 LH x	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL

[1488]

[1489]

	I2C HL			IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRATITADKSTSTAYM
				ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
	hEp 14-G6 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
1021.				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGCCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC

				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTAGACTGTTGTTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1022.	hEp 14-H4 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGETASISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIK
1023.	hEp 14-H4 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1024.	hEp 14-H4 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1025.	hEp 14-H4 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1026.	hEp 14-H4 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GACGGCCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCAGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1027.	hEp 14-H4 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWMGDI
				FPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD
				EPMDYWGQGTTVTVSS
1028.	hEp 14-H4 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1029.	hEp 14-H4 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1030.	hEp 14-H4 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1031.	hEp 14-H4 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTAAAGCCTGGGTCTTC

[1490]

				AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC
				TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT
				ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG
				AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA
				GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG
				AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCC
1032.	hEp 14-H4 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGETASISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYM
				ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1033.	hEp 14-H4 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GACGGCCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCAGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGGTAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG

[1491]

[1492]

				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCC
				TCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1034.	hEp 17-A6 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIK
1035.	hEp 17-A6 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1036.	hEp 17-A6 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1037.	hEp 17-A6 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1038.	hEp 17-A6 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1039.	hEp 17-A6 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGSSVKISCKASGYTFSNYWLGWVKQAPGQGLEWMGDIF

				PGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYFCARLRNWDE
1040.	hEp 17-A6 HCDR1	인공	aa	PMDYWGQGTTVTVSS
1041.	hEp 17-A6 HCDR2	인공	aa	NYWLG
1042.	hEp 17-A6 HCDR3	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1043.	hEp 17-A6 H	인공	nt	LRNWDEPMDY
				CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAGGCCTGGGTCTTC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC
				TAGGTTGGGTAAAGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT
				ATTTTCCCCGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG
				AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA
				GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTTCTGTGCAAGACTGAGG
				AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCC
1044.	hEp 17-A6 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKRPGSSVKISCKASGYTFSN
				YWLGWVKQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMEL
				SSLTSEDTAVYFCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESGGG
				LVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATY
				YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWA
				YWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS
				STGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT
				LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1045.	hEp 17-A6 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG

[1493]

				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGGTCTTCAGTGAAGATATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAAGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCCGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTTCTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCC
				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1046.	hEp 17-E9 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPKLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLNISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIK
1047.	hEp 17-E9 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1048.	hEp 17-E9 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1049.	hEp 17-E9 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT

[1494]

1050.	hEp 17-E9 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAACATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1051.	hEp 17-E9 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVKQAPGHGLEWMGDI
				FPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARLRNWDE
				PMDYWGQGTTVTVSS
1052.	hEp 17-E9 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1053.	hEp 17-E9 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1054.	hEp 17-E9 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1055.	hEp 17-E9 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC
				AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC
				TAGGTTGGGTAAAGCAGGCGCCTGGACATGGACTTGAGTGGATGGGAGAT
				ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG
				AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA
				GTAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG
				AACTGGGACGAGCCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCC
1056.	hEp 17-E9 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPKLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLNISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVKQAPGHGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYM
				ELSSLRSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA

[1495]

[1496]

1057.	hEp 17-E9 LH x I2C HL	인공	nt	LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
				GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				AAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAACATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAAGC
				AGGCGCCTGGACATGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGAGATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA

1058.	hEp 18-A6 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQL LIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLNISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFG QGTKLEIK
1059.	hEp 18-A6 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1060.	hEp 18-A6 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1061.	hEp 18-A6 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1062.	hEp 18-A6 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTCACACCAGGAGA GCAGGTCTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAACATCAGCAGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1063.	hEp 18-A6 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQTPGQGLEWMGDI FPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD EPMDYWGQGTTVTVSS
1064.	hEp 18-A6 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1065.	hEp 18-A6 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1066.	hEp 18-A6 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1067.	hEp 18-A6 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGTCACAATCACTGCAGACAAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
1068.	hEp 18-E3 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLLI

[1497]

				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
1069.	hEp 18-E3 LCDR1	인공	aa	GTKLEIK KSSQSLLNSGNQKNYLT
1070.	hEp 18-E3 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1071.	hEp 18-E3 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1072.	hEp 18-E3 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTG TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1073.	hEp 18-E3 H	인공	aa	QVQLVQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSNYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIF PGSGNIHYNEKFKGRVTLTADKSTSTAYMQLSSLTSEDTAVYYCARLRNWDE PMDYWGQGTTVTVSS
1074.	hEp 18-E3 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1075.	hEp 18-E3 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1076.	hEp 18-E3 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1077.	hEp 18-E3 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGTCTTC AGTGAAGATATCCTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGTCACACTCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGCAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
1078.	hEp 18-E3 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLLI YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ

[1498]

				GTKLEIKGGGSGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAELVRPGSSVKISCKASGYAFSN
				YWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTLTADKSTSTAYMQ
				LSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1079.	hEp 18-E3 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTG
				TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGTCTTCAGTGAAGATATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACGCCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACACTCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGCAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC

[1499]

				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCC CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
1080.	hEp 18-F11 L	인공	aa	DIVMTQTPPSLTVTAGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISSVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
1081.	hEp 18-F11 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1082.	hEp 18-F11 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1083.	hEp 18-F11 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1084.	hEp 18-F11 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACCCTCCCTGACTGTGACAGCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCAGTG TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1085.	hEp 18-F11 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWIGDIF PGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLRFEDTAVYYCARLRNWDE PMDYWGQGTTVTVSS
1086.	hEp 18-F11 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1087.	hEp 18-F11 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1088.	hEp 18-F11 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY

[1500]

1089.	hEp 18-F11 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGGCCTGGGTCTTC
				AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC
				TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGAT
				ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG
				AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA
				GTAGCCTGAGATTTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG
				AACTGGGACGAGCCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCC
1090.	hEp 18-F11 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPPSLTVTAGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISSVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAEVKRPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQAPGQGLEWIGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYME
				LSSLRFEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1091.	hEp 18-F11 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACCCTCCCTGACTGTGACAGCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCAGTG
				TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAGGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGAGATTTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT

[1501]

[1502]

				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGTGACTCAGGAACC TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCC CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
	hEp 18-F12 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
1093.	hEp 18-F12 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1094.	hEp 18-F12 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1095.	hEp 18-F12 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1096.	hEp 18-F12 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCCGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA

[1503]

				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1097.	hEp 18-F12 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQRPGQGLEWIGDIF PGSGNIHYNEKFKGRATITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARLRNWDEP MDYWGQGTTVTVSS
1098.	hEp 18-F12 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1099.	hEp 18-F12 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1100.	hEp 18-F12 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1101.	hEp 18-F12 L	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGAGGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGA TATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCA GAGCCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTC AGTAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAG GAACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCG TCTCCTCC
1102.	hEp 18-F12 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS NYWLGWVRQRPGQGLEWIGDIFPGSGNIHYNEKFKGRATITADKSTSTAYME LSSLRSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGSGEVQLVESGG GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
1103.	hEp 18-F12 LH x I2C HL	인공	nt	TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG

[1504]

				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGAGGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGCCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGAGATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1104.	hEp 18-G1 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGETVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIK
1105.	hEp 18-G1 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT

[1505]

1106.	hEp 18-G1 LCDR2	인공	aa	WASTRES	
1107.	hEp 18-G1 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT	
1108.	hEp 18-G1 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GACGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCAGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA	
1109.	hEp 18-G1 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQTPGQGLEWIGDIF PGSGNIHYNEKFKGKVTTTADKSTSTAYMELSSLGSEDTAVYYCARLRNWDE PMDYWGQGTTVTVSS	
1110.	hEp 18-G1 HCDR1	인공	aa	NYWLG	
1111.	hEp 18-G1 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG	
1112.	hEp 18-G1 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY	
1113.	hEp 18-G1 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAA AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGGGATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC	
1114.	hEp 18-G1 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGETVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGSSVKVSCKASGYTFS NYWLGWVRQTPGQGLEWIGDIFPGSGNIHYNEKFKGKVTITADKSTSTAYME LSSLGSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESGG GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT	

[1506]

				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1115.	hEp 18-G1 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GACGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCACAATCAGCAGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGGTAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATTGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAAAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGGGATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC

[1507]

				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT CCTA
1116.	hEp 18-G9 L	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
1117.	hEp 18-G9 LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1118.	hEp 18-G9 LCDR2	인공	aa	WASTRES
1119.	hEp 18-G9 LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1120.	hEp 18-G9 L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1121.	hEp 18-G9 H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQTPGQGLEWMGDI FPGSGNIHYNEKFKGRATTTADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD EPMDYWGQGTTVTVSS
1122.	hEp 18-G9 HCDR1	인공	aa	NYWLG
1123.	hEp 18-G9 HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1124.	hEp 18-G9 HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1125.	hEp 18-G9 H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGCCACAATCACTGCAGACAAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG

[1508]

			aa	AACTGGGACGAGCCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCC
1126.	hEp 18-G9 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQTPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRATITADKSTSTAYM
				ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1127.	hEp 18-G9 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAAATATCCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGCCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC

[1509]

				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1128.	인간 EpCAM	인간	aa	MAPPQVLAFGLLLAAATATFAAAQEECVCENYKLAVNCFVNNNRQCQCTSV
				GAQNTVICSKLAAKCLVMKAEMNGSKLGRRAKPEGALQNNDGLYDPDCDES
				GLFKAKQCNGTSTCWCVNTAGVRRTDKDTEITCSERVRTYWIIIELKHKAREK
				PYDSKSLRTALQKEITTRYQLDPKFITSILYENNVITIDLVQNSSQKTQNDVDIA
				DVAYYFEKDVKGESLFHSKKMDLTVNGEQLDLDPGQTLIYYVDEKAPEFSMQ
				GLKAGVIAVIVVVIAVVAGIVVLVISRKKRMAKYEKAEIKEMGEMHRELNA
1129.	인간 EpCAM cDNA	인간	nt	cggcgagcgagcaccttcgacgcggtccgggggaccccctcgtcgctgtcctcccgacgcgggacccgcgt
				gccccaggcctcgcgctgcccggccggctcctctgtcccactcccggcgcacgcccctcccgcgagtcc
				cgggccccctcccgcgccctcttctcgccgcgcgcagcatggcgccccgcaggtcctcgcgttcgg
				gcttctgcttgccgcggcgacggcgacttttgccgcagctcaggaagaatgtgtctgtgaaaactacaagct
				ggccgtaaactgctttgtgaatatatacgtcaatgccagtgtacttcagttggtgcacaaaatactgtcatt
				gctcaaagctggctgccaaatgtttggtgatgaagcagaaatgaatggctcaaaactttgggagaagagca
				aaacctgaaggggccctccagaacaatgatggctttatgatcctgactgcgatgagagcgggctctttaa
				ggccaagcagtgcaacggcacctccacgtgctggtgtgtgaacactgctgggtcagaagaacagaca
				ggacactgaaataacctgctctgagcgagtgagaacctactggatcatcattgaactaaaacacaaagcaa
				gagaaaaacctatgatagtaaaagttgcggactgcacttcagaaggagatcacaacgcgttatcaactgg
				atccaaaatttacgagtatttgtatgagaataatgttatcactattgatctggttcaaaattcttctcaaaaa
				actcagaatgatgtggacatagctgatggcttatattttgaaaaagatgttaaaggtgaatccttgtttcatt
				ctaagaaaatggacctgacagtaaatgggaacaactggatctggatccttggtcaaacttaattattatgtt
				gatgaaaaagcacctgaatctcaatgcagggtctaaaagctggttattgctgttattgtggttgtggtgat
				agcagttgttgctggaattgttgctggttattccagaagagaggaatggcaaagtatgagaaggctga

[1510]

					gataaaggaggatggtgagatgcataggaactcaatgcataactatataatttgaagatatagaagaaggg gaaatagcaaatggacacaaattacaaatgtgtgtgctgggacgaagacatctttgaaggtcatgagtttg ttagtttaacatcatatatttgtaatagtgaaacctgtactcaaaatataagcagcttgaaactggcttaccaat cttgaaatttgaccacaagtgtcttatatatgcagatctaatgtaaaatccagaactggactccatcgttaaa attattatgtgtaacatcaaatgtgtgcatttaaatatatgctccacagtaaaatctgaaaaactgatttgtgatt gaaagctgcctttctatttacttgagtcttgtacatacatacttttttatgagctatgaaataaaacatttaaact g
1130.	엑손 2 에 의해 코딩되는, 인간 EpCAM 의 EGF-유사 도메인 1 의 아미노산 26 내지 61		인간	aa	ECVCENYKLAVNCFVNNNRQCQCTSVGAQNTVICSK
1131.	FAP L		인공	aa	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQPPKLL IFWASTRESGVPDRFSGSGFGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSYPLTFGQ GTKVEIK
1132.	FAP L-CDR1		인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA
1133.	FAP L-CDR2		인공	aa	WASTRES
1134.	FAP L-CDR3		인공	aa	QQYFSYPLT
1135.	FAP L		인공	nt	GACATTGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGGA GAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGCCAGAGCCTTTTATATTCTAGAA ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGCCACCC AAACTCCTCATCTTTTGGGCTAGCACTAGGGAATCTGGGGTACCTGATAG GTTCAGTGGCAGTGGGTTTGGGACAGACTTCACCCTCACCATTAGCAGCC TGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
					TCCGCTCACGTTCGGACAAGGGACCAAGGTGGAAATAAAA
1136.	FAP H		인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSRYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWIGGIN PNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYGY DEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1137.	FAP H-CDR1		인공	aa	EYTIH
1138.	FAP H-CDR2		인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1139.	FAP H-CDR3		인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY

1140.	FAP H	인공	nt	CAGGTGCAACTAGTGCAGTCCGGCGCCGAAGTGAAGAAACCCGGTGCTTC
				CGTGAAAGTCAGCTGTAAAACTAGTAGATACACCTTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTTAGACAGGCCCCCTGGCCAAAGGCTGGAGTGGATAGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACCATCACCGTAGACACCTCTGCCAGCACCGCCTACATGGAACTGT
				CCAGCCTGCGCTCCGAGGACACTGCAGTCTACTACTGCGCCAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTTGTCACCGTCTCCTCC
1141.	FAP LH	인공	aa	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQPPKLL
				IFWASTRESGVPDRFSGSGFGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSYPLTFGQ
				GTKVEIKGGGSGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSRYTFT
				EYTIHWVRQAPGQRLEWIGGINPNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMEL
				SSLRSEDTAVYYCARRRIAYGYDEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1142.	FAP LH	인공	nt	GACATTGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGGA
				GAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATTCTAGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGCCACCC
				AAACTCCTCATCTTTTGGGCTAGCACTAGGGAATCTGGGGTACCTGATAG
				GTTCAGTGGCAGTGGGTTTGGGACAGACTTCACCCTCACCATTAGCAGCC
				TGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
				TCCGCTCACGTTCGGACAAGGGACCAAGGTGGAAATAAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAACTAGTG
				CAGTCCGGCGCCGAAGTGAAGAAACCCGGTGCTTCCGTGAAAGTCAGCTG
				TAAAACTAGTAGATACACCTTCACTGAATACACCATACACTGGGTTAGAC
				AGGCCCCTGGCCAAAGGCTGGAGTGGATAGGAGGTATTTAATCCTAACAAT
				GGTATTCCTAACTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCGGGTCACCATCACCGT
				AGACACCTCTGCCAGCACCGCCTACATGGAACTGTCCAGCCTGCGCTCCG
				AGGACACTGCAGTCTACTACTGCGCCAGAAGAAGAATCGCCTATGGTTAC
				GACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCCTTGTCACCGT
				CTCCTCC
1143.	FAP LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQPPKLL
				IFWASTRESGVPDRFSGSGFGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSYPLTFGQ
				GTKVEIKGGGSGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSRYTFT

[1511]

				EYTIHWVRQAPGQRLEWIGGINPNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMEL
				SSLRSEDTAVYYCARRRIAYGYDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI
				SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL
				TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK
1144.	FAP LH x I2C HL	인공	nt	AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
				GACATTGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGGA
				GAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATTCTAGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGCCACCC
				AAACTCCTCATCTTTTGGGCTAGCACTAGGGAATCTGGGGTACCTGATAG
				GTTCAGTGGCAGTGGGTTTGGGACAGACTTCACCCTCACCATTAGCAGCC
				TGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
				TCCGCTCACGTTCGGACAAGGGACCAAGGTGGAAATAAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAACTAGTG
				CAGTCCGGCGCCGAAGTGAAGAAACCCGGTGCTTCCGTGAAAGTCAGCTG
				TAAAACTAGTAGATACACCTTCACTGAATACACCATACACTGGGTTAGAC
				AGGCCCCTGGCCAAAGGCTGGAGTGGATAGGAGGTATTTAATCCTAACAAT
				GGTATTCCTAACTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCGGGTCACCATCACCGT
				AGACACCTCTGCCAGCACCGCCTACATGGAACTGTCCAGCCTGCGCTCCG
				AGGACACTGCAGTCTACTACTGCGCCAGAAGAAGAATCGCCTATGGTTAC
				GACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCCTTGTCACCGT
				CTCCTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGA
				TTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAA
				GGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCA
				ACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGA
				TTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACA
				CTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATA
				TCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGG
				TGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTG
				TTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA

[1512]

				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAA
				CTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGA
				CTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGC
				AGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAG
				GAACCAAACTGACTGTCCTA
1145.	FAP LH x H2C HL	인공	aa	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQPPKLL
				IFWASTRESGVPDRFSGSGFGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSYPLTFGQ
				GTKVEIKGGGGSGGGGSGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSRYTFT
				EYTIHWVRQAPGQRLEWIGGINPNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMEL
				SSLRSEDTAVYYCARRRIAYGYDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI
				SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL
				TCGSSTGAVTSGYYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK
				AALTLSGVQPEDEAEYYCALWYSNRWVFGGGTKLTVL
1146.	FAP LH x H2C HL	인공	nt	GACATTGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGGA
				GAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATTCTAGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGCCACCC
				AAACTCCTCATCTTTTGGGCTAGCACTAGGGAATCTGGGGTACCTGATAG
				GTTCAGTGGCAGTGGGTTTGGGACAGACTTCACCCTCACCATTAGCAGCC
				TGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
				TCCGCTCACGTTCGGACAAGGGACCAAGGTGGAAATAAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAACTAGTG
				CAGTCCGGCGCCGAAGTGAAGAAACCGGTGCTTCCGTGAAAGTCAGCTG
				TAAAACTAGTAGATACACCTTCACTGAATACACCATACACTGGGTTAGAC
				AGGCCCCTGGCCAAAGGCTGGAGTGGATAGGAGGTATTAATCCTAACAAT
				GGTATTCCTAACTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCGGGTCACCATCACCGT
				AGACACCTCTGCCAGCACCGCCTACATGGAACTGTCCAGCCTGCGGCTCCG
				AGGACACTGCAGTCTACTACTGCGCCAGAAGAAGAATCGCCTATGGTTAC
				GACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCCTTGTCACCGT
				CTCCTCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG

[1513]

				GATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGA
				TTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAA
				GGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATATGCA
				ACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGA
				TTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACA
				CTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATA
				TCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGG
				TGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTG
				TTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
				CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCTACTACCCAAA
				CTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGA
				CTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
				GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGC
				AGAATATTACTGTGCTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAG
				GAACCAAACTGACTGTCCTA
1147.	FAP LH x F12Q HL	인공	aa	DIVMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQPPKLL
				IFWASTRESGVPDRFSGSGFGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYFSYPLTFGQ
				GTKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSRYTFT
				EYTIHWVRQAPGQRLEWIGGINPNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMEL
				SSLRSEDTAVYYCARRRIAYGYDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNSYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKGRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSY
				VSWWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTV
				TLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLG
				GKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1148.	FAP LH x F12Q HL	인공	nt	GACATTGTGATGACCCAGTCTCCAGACTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGGA
				GAGGGCCACCATCAACTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATTCTAGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTATCAGCAGAAACCAGGACAGCCACCC
				AAACTCCTCATCTTTTGGGCTAGCACTAGGGAATCTGGGGTACCTGATAG
				GTTCAGTGGCAGTGGGTTTGGGACAGACTTCACCCTCACCATTAGCAGCC
				TGCAGGCTGAAGATGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
				TCCGCTCACGTTCGGACAAGGGACCAAGGTGGAAATAAAAGGTGGTGGTG

[1514]

			GTTCTGGCGGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAACTAGTG
			CAGTCCGGCGCCGAAGTGAAGAAACCCGGTGCTTCCGTGAAAGTCAGCTG
			TAAAACTAGTAGATACACCTTCACTGAATACACCATACACACTGGGTTAGAC
			AGGCCCCTGGCCAAAGGCTGGAGTGGATAGGAGGTATTAATCCTAACAAT
			GGTATTCCTAACTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCGGGTCACCATCACCGT
			AGACACCTCTGCCAGCACCGCCTACATGGAACTGTCCAGCCTGCGCTCCG
			AGGACACTGCAGTCTACTACTGCGCCAGAAGAAGAATCGCCTATGGTTAC
			GACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCCTTGTCACCGT
			CTCCTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAG
			GATTGGTGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGA
			TTCACCTTCAATAGCTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAA
			GGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCA
			ACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGGCAGGTTCACCATCTCCAGAGATGA
			TTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACA
			CTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACGTT
			TCCTGGTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGG
			TGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTG
			TTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACA
			CTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAA
			CTGGGTCCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGA
			CTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTT
			GGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGC
			AGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAG
			GAACCAAACTGACTGTCCTA
1149.	FAP 알파	인간	nt
			ATGAAGACTTGGGTAAAAATCGTATTTGGAGTTGCCACCTCTGCTGTGCT
			TGCCTTATTGGTGATGTGCATTGTCTTACGCCCTTCAAGAGTTCATAACT
			CTGAAGAAAATACAATGAGAGCACTCACACTGAAGGATATTTTAAATGGA
			ACATTTTCTTATAAAACATTTTTTCCAAACTGGATTTCAGGACAAGAATA
			TCTTCATCAATCTGCAGATAACAATATAGTACTTTATAATATTGAAACAG
			GACAATCATATACCATTTTGAGTAATAGAACCATGAAAAGTGTGAATGCT
			TCAAATTACGGCTTATCACCTGATCGGCAATTTGTATATCTAGAAAGTGA
			TTATTCAAAGCTTTGGAGATACTCTTACACAGCAACATATTACATCTATG

[1515]

[1516]

ACCTTAGCAATGGAGAAATTTGTAAGAGGAAATGAGCTTCCTCGTCCAATT				
CAGTATTTATGCTGGTCGCCTGTTGGGAGTAAATTAGCATATGTCTATCA				
AAACAATATCTATTTGAAACAAAGACCAGGAGATCCACCTTTTCAAATAA				
CATTTAATGGAAGAGAAAATAAAATATTTAATGGAATCCCAGACTGGGT				
TTATGAAGAGGAAATGCTTGCTACAAAATATGCTCTCTGGTGGTCTCCTA				
ATGGAAAATTTTTGGCATATGCGGAATTTAATGATACGGATATACCAGT				
TATTGCCTATTCCTATTATGGCGATGAACAATATCCTAGAACAATAAATA				
TTCCATACCCAAAGGCTGGAGCTAAGAATCCCGTTGTTCGGATATTTATT				
ATCGATACCACTTACCCTGCGTATGTAGGTCCCCAGGAAGTGCCTGTTCC				
AGCAATGATAGCCTCAAGTGATTATTATTTCAGTTGGCTCACGTGGGTTA				
CTGATGAACGAGTATGTTTGCAGTGGCTAAAAAGAGTCCAGAATGTTTCG				
GTCCTGTCTATATGTGACTTCAGGGAAGACTGGCAGACATGGGATTGTCC				
AAAGACCCAGGAGCATATAGAAGAAAGCAGAACTGGATGGGCTGGTGGAT				
TCTTTGTTTCAACACCAGTTTTCAGCTATGATGCCATTTCGTACTACAAA				
ATATTTAGTGACAAGGATGGCTACAAACATATTCACTATATCAAAGACAC				
TGTGGAAAATGCTATTCAAATTACAAGTGGCAAGTGGGAGGCCATAAATA				
TATTCAGAGTAACACAGGATTCACTGTTTTATTCTAGCAATGAATTTGA				
AGAATACCCTGGAAGAAGAAACATCTACAGAATTAGCATTGGAAGCTATC				
CTCCAAGCAAGAAGTGTTTACTTGCCATCTAAGGAAAGAAAGGTGCCAA				
TATTACACAGCAAGTTTCAGCGACTACGCCAAGTACTATGCACTTGTCTG				
CTACGGCCCAGGCATCCCCATTTCCACCCTTCATGATGGACGCACTGATC				
AAGAAATTAAAATCCTGGAAGAAAACAAGGAATTGGAAAATGCTTTGAAA				
AATATCCAGCTGCCTAAAGAGGAAATTAAGAAACTTGAAGTAGATGAAAT				
TACTTTATGGTACAAGATGATTCTTCCTCCTCAATTTTGACAGATCAAAGA				
AGTATCCCTTGCTAATTCAAGTGTATGGTGGTCCCTGCAGTCAGAGTGTA				
AGGTCTGTATTTGCTGTTAATTGGATATCTTATCTTGCAAGTAAGGAAG				
GGATGGTCATTGCCTTGGTGGATGGTCGAGGAACAGCTTTCCAAGGTGAC				
AAACTCCTCTATGCAGTGTATCGAAAGCTGGGTGTTTATGAAGTTGAAGA				
CCAGATTACAGCTGTCAGAAAATTCATAGAAATGGGTTTCATTGATGAAA				
AAAGAATAGCCATATGGGGCTGGTCCTATGGAGGATACGTTTCATCACTG				
GCCCTTGCATCTGGAACTGGTCTTTTCAAATGTGGTATAGCAGTGGCTCC				
AGTCTCCAGCTGGGAATATTACGCGTCTGTCTACACAGAGAGATTCATGG				

				GTCTCCCAACAAAGGATGATAATCTTGAGCACTATAAGAATTCAACTGTG
				ATGGCAAGAGCAGAATATTTCAGAAATGTAGACTATCTTCTCATCCACGG
				AACAGCAGATGATAATGTGCACTTTCAAAACTCAGCACAGATTGCTAAAG
				CTCTGGTTAATGCACAAGTGGATTTCCAGGCAATGTGGTACTCTGACCAG
				AACCACGGCTTATCCGGCCTGTCCACGAACCACTTATACACCCACATGAC
				CCACTTCCTAAAGCAGTGTTTCTCTTTGTCAGACTAA
1150.	FAP 알파	인간	aa	MKTWVKIVFGVATSAVLALLVMCIVLRPSRVHNSEENTMRALTLKDILNGTF
				SYKTFFPNWISGQEYLHQSADNNIVLYNIETGQSYTILSNRTMKSVNASNYGL
				SPDRQFVYLESDYSKLWRYSYTATYYIYDLSNGEFVRGNELPRPIQYLCWSPV
				GSKLAYVYQNNIYLKQRPGDPPFQITFNGRENKIFNGIPDWVYEEEMLATKYA
				LWWSPNGKFLAYAEFNDTDIPVIAYSYYGDEQYPRTINIPYPKAGAKNPVVRIF
				IIDTTYPAYVGPQEVPVPAMIASSDYYFSWLTWVTDERVCLQWLKRVQNVSV
				LSICDFREDWQTWDCPKTQEHIEESRTGWAGGFFVSTPVFSYDAISYYKIFSD
				KDGYKHIHYIKDTVENAIQITSGKWEAINIFRVTQDSLFYSSNEFEEYPGRRNIY
				RISIGSYPPSKKCVTCHLRKERCQYYTASFSDYAKYYALVCYGPGIPISTLHDGR
				TDQEIKILEENKELENALKNIQLPKEEIKKLEVDEITLWYKMILPPQFDRSKKYP
				LLIQVYGGPCSQSVRSVFAVNWISYLASKEGMVIALVDGRGTAFQGDKLLYAV
				YRKLGVYEVEDQITAVRKFIEMGFIDEKRIAIWGWSYGGYVSSLALASGTGLFK
				CGIAVAPVSSWEYYASVYTERFMGLPTKDDNLEHYKNSTVMARAEYFRNVD
				YLLIHGTADDNVHFQNSAQIAKALVNAQVDFQAMWYSDQNHGLSGLSTNHLY
				THMTHFLKQCFSLSD
1151.	FAP 알파	짧은꼬리 원숭이 (시아노몰구스)	nt	ATGAAGACTTGGGTAAAAATCGTATTTGGAGTTGCCACCTCTGCTGTGCT
				TGCCTTATTGGTGATGTGCATTGTCTTACGCCCTCCAAGAGTTCATAACT
				CTGAAGAAAATACAATGAGAGCACTCACACTGAAGGATATTTTAAATGGG
				ACATTTTCTTATAAAACATTTTTTCCAAACTGGATTTCAGGACAAGAATA
				TCTTCATCAATCTGCAGATAACAATATAGTACTTTATAAATATTGAAACAG
				GACAATCATATACCATTTTGAGTAACAGAACCATGAAAAGTGTGAATGCT
				TCAAATTATGGCTTATCACCTGATCGGCAATTTGTATATCTAGAAAGTGA
				TTATTCAAAGCTTTGGAGATACTCTTACACAGCAACATATTACATCTATG
				ACCTTAGCAATGGAGAATTTGTAAGAGGAAATGAGCTTCCTCGTCCAATT
				CAGTATTTATGCTGGTCGCCTGTTGGGAGTAAATTAGCATATGTCTATCA
				AAACAATATCTATTTGAAACAAAGACCAGGAGATCCACCTTTTCAAATAA

[1517]

[1518]

CATTTAATGGAAGAGAAAATAAAATATTTAATGGAATCCCAGACTGGGT				
TTATGAAGAGGAAATGCTTGCTACAAAATATGCTCTCTGGTGGTCTCCTA				
ATGGAAAATTTTTGGCATATGCGGAATTTAATGATACAGATATACCAGT				
TATTGCCTATTCCTATTATGGCGATGAACAATATCCCAGAACAATAAATA				
TTCCATACCCAAAGGCYGGAGCTAAGAATCCTTTTGTTCGGATATTTATT				
ATCGATACCACTTACCCTGCGTATGTAGGTCCCCAGGAAGTGCCTGTTCC				
AGCAATGATAGCCTCAAGTGATTATTATTTCAGTTGGCTCACGTGGGTTA				
CTGATGAACGAGTATGTTTGCAGTGGCTAAAAAGAGTCCAGAATGTTTCG				
GTCTTGTCTATATGTGATTTCAGGAAGACTGGCAGACATGGGATTGTCC				
AAAGACCCAGGAGCATATAGAAGAAAGCAGAACTGGATGGGCCTGGTGGAT				
TCTTTGTTTCAACACCAGTTTTCAGCTATGATGCCATTTCATACTACAAA				
ATATTTAGTGACAAGGATGGCTACAAACATATTCACTATATCAAAGACAC				
TGTGGAAAATGCTATTCAAATTACAAGTGGCAAGTGGGAGGCCATAAATA				
TATTCAGAGTAACACAGGATTCACTGTTTTATTCTAGCAATGAATTTGA				
AGATTACCCTGGAAGAAGAAACATCTACAGAATTAGCATTGGAAGCTATC				
CTCCAAGCAAGAAGTGTGTTACTTGCCATCTAAGGAAAGAAAGGTGCCAA				
TATTACACAGCAAGTTTCAGCGACTACGCCAAGTACTATGCACTTGTCTG				
CTATGGCCCAGGCATCCCCATTTCCACCCTTCATGACGGACGCACTGATC				
AAGAAATTAAAATCCTGGAAGAAAACAAGGAATTGGAAAATGCTTTGAAA				
AATATCCAGCTGCCTAAAGAGGAAATTAAGAAACTTGAAGTAGATGAAAT				
TACTTTATGGTACAAGATGATTCTTCTCCTCAATTTGACAGATCAAAGA				
AGTATCCCTTGCTAATTCAAGTGTATGGTGGTCCCTGCAGTCAGAGTGTR				
AGGTCTGTATTTGCTGTTAATTGGATATCKTATCTTGCAAGTAAGGAAG				
GGATGGTCATTGCCTTGGTGGATGGTCGAGGAACAGCTTTCCAAGGTGAC				
AAACTCCTGTATGCAGTGTATCGAAAGCTGGGTGTTTATGAAGTTGAAG				
ACCAGATTACAGCTGTCAGAAAATTCATAGAAATGGGTTTCATTGATGAA				
AAAAGAATAGCCATATGGGGCTGGTCCTATGGAGGATAYGTTTCATCACT				
GGCCCTTGCATCTGGAACTGGTCTTTTCAAATGTGGGATAGCAGTGGCTC				
CAGTCTCCAGCTGGGAATATTACGCGTCTGTCTACACAGAAAGATTCATG				
GGTCTTCCCACAAAGGATGATAATCTTGAGCACTACAAAAATTCAACTGT				
GATGGCAAGAGCAGAATATTTCAGAAATGTAGACTATCTTCTCATCCACG				
GAACAGCAGATGATAATGTGCACTTTCAAAACTCAGCACAGATTGCTAAA				

				GCTCTGGTTAATGCACAAGTGGATTTCCAGGCAATGTGGTACTCTGACCA
				GAACCACGGCTTATCCGGCCTGTCCACGAACCACTTATACACCCACATGA
				CCCACTTTCTAAAGCAGTGTTTTTCTTTGTCGGACTAA
1152.	FAP 알파	짧은 꼬리 원숭이 (시아노몰구스)	aa	MKTWVKIVFGVATSAVLALLVMCIVLRPPRVHNSEENTMRALTLKDILNGTF
				SYKTFFPNWISGQEYLHQSADNNIVLYNIETGQSYTILSNRTMKSVNASNYGL
				SPDRQFVYLESDYSKLWRYSYTATYYIYDLSNGEFVRGNELPRPIQYLCWSPV
				GSKLAYVYQNNIYLKQRPGDPPFQITFNGRENKIFNGIPDWVYEEEMLATKYA
				LWWSPNGKFLAYAEFNDTDIPVIAYSYYGDEQYPRTINIPYPKAGAKNPFVRIFI
				IDTTYPAYVGPQEVPVPAMIASSDYYFSWLTWVTDERVCLQWLKRVQNVSVL
				SICDFREDWQTWDCPKTQEHIEESRTGWAGGFFVSTPVFSYDAISYYKIFSDK
				DGYKHIHYIKDTVENAIQITSGKWEAINIFRVTQDSLFYSSNEFEDYPGRRNIYRI
				SIGSYPPSKKCVTCHLRKERCQYYTASFSDYAKYYALVCYGPGIPISTLHDGRT
				DQEIKILEENKELENALKNIQLPKEEIKKLEVDEITLWYKMILPPQFDRSKKYPL
				LQVYGGPCSQSVRSVFAVNWISYLASKEGMVIALVDGRGTAFQGDKLLYAVY
				RKLGVYEVEDQITAVRKFIEMGFIDEKRIAIWGWSYGGYVSSLALASGTGLFKC
				GIAVAPVSSWEYYASVYTERFMGLPTKDDNLEHYKNSTVMARAEYFRNVDYL
				LIHGTADDNVHFQNSAQIAKALVNAQVDFQAMWYSDQNHGLSGLSTNHLYT
				HMTHFLKQCFSLSD
1153.	천방향 프라이머	인공	nt	CAGCTTCCAACTACAAAGACAGAC
1154.	역방향 프라이머	인공	nt	TTTCCTCTTCTATAAACCCAGTCTGG
1155.	천방향 프라이머	인공	nt	TTGAAACAAAGACCAGGAGATCCACC
1156.	역방향 프라이머	인공	nt	AGATGGCAAGTAACACACTTCTTGC
1157.	천방향 프라이머	인공	nt	GAAGAAACATCTACAGAATTAGCATTGG
1158.	역방향 프라이머	인공	nt	CACATTTGAAAAGACCAGTTCCAGATGC
1159.	천방향 프라이머	인공	nt	AGATTACAGCTGTCAGAAAATTCATAGAAATGG
1160.	역방향 프라이머	인공	nt	ATATAAGGTTTTCAGATTCTGATACAGGC
1161.	5' FAP-VH-A-XhoI	인공	nt	CCG CTA CTC GAG TCT GGA SCT GAG STG RWG AAG CCT GGG GCT TCA GTA AAG
1162.	3' FAP-VH-B	인공	nt	CTG TCT CAC CCA GTG TAT GGT GTA TTC AGT GAA TGT GTA TCY AGA AGY CTT GCA GGA CAY CTT TAC TGA AGC CCC
1163.	5' FAP-VH-C	인공	nt	CAC TGG GTG AGA CAG KCC CMT GGA MAG AGM CTT GAG TGG ATK

[1519]

1164.	3' FAP-VH-D	인공	nt	GGA GGT ATT AAT CCT AAC AAT GGT ATT CCT AAC
				CAT GTA GGC GGT GCT GGM GGA CKT GYC TMY AGT TAW TGT GRC
				CCT GCC CTT GAA CTT CTG ATT GTA GTT AGG AAT ACC
1165.	5' FAP-VH-E'	인공	nt	AGC ACC GCC TAC ATG GAG CTC MGC AGC CTG ASA TCT GAG GAT
				ACT GCG GTC TAT TWC TGT GCA AGA AGA AGA ATC GCC
1166.	3' FAP-VH-F-BstEII	인공	nt	CCA GTA GGT GAC CAG GGT TCC TTG ACC CCA GTA GTC CAT AGC
				ATG GCC CTC GTC GTA ACC ATA GGC GAT TCT TCT TCT TGC ACA
1167.	5' FAP-VL-A-SacI	인공	nt	CGA CCT GAG CTC GTG ATG ACA CAG ACT CCA YYC TCC CTA SCT
				GTG ACA SYT GGA GAG MMG GYT TCT ATS AGC TGC AAG TCC AGT
				CAG
1168.	3' FAP-VL-B	인공	nt	AGA CTG CCC TGG CTT CTG CWG GWA CCA GGC CAA GTA GTT CTT
				TTG ATT ACG ACT ATA TAA AAG GCT CTG ACT GGA CTT GCA GCT
1169.	5' FAP-VL-C	인공	nt	CAG AAG CCA GGG CAG TCT CCT MAA CTG CTG ATT TWC TGG GCA
				TCC ACTA GG GAA TCT GGG GTC CCT GAT CGC TTC TCA GGC AGT
				GGA
1170.	3' FAP-VL-D	인공	nt	ATA TTG CTG ACA GTM ATA AAC TSC CAS GTC CTC AGC CTS CAC
				WCT GCT GAT CKT GAG AKT GAA ATC CGT CCC ARA TCC ACT GCC
				TGA GAA
1171.	3' FAP-VL-E-BsiWI/SpeI	인공	nt	CCA GTA ACT AGT CGT ACG TTT GAT CTC CAC CTT GGT CCC ACC
				ACC GAA CGT GAG CGG ATA GCT AAA ATA TTG CTG ACA GT
1172.	PC32B8-H	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGRGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDRVTITADKSTNTAYIELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMAY
				WGQGTTVTVSS
1173.	PC32B8-HCDR1	인공	aa	NYWLN
1174.	PC32B8-HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
1175.	PC32B8-HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
1176.	PC32B8-H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC

[1520]

				TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCGGCAGGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAACACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				A
1177.	PC32B8-L	인공	aa	DIVMTQSPPSLPVTPGEPASISCRSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIY
				RMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGT
				KLEIK
1178.	PC32B8-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1179.	PC32B8-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1180.	PC32B8-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1181.	PC32B8-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGTCACCTCCAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGA
				GCCAGCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACG
				GCAACACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCAG
				CTGCTGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATT
				CAGCGGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGG
				AGGCCGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCC
				TACACCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1182.	PC32B8-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGRGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDRVTITADKSTNTAYIELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMAY
				WGQGTTVTVSSGGGGSGGGSGGGSDIVMTQSPPSLPVTPGEPASISCRSSK
				SLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI
				SRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIK
1183.	PC32B8-HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCCGGCAGGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAACACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC

[1521]

			ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
			AGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA
			TCGTGATGACCCAGTCACCTCCAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
			GCGTCCATCAGCTGCAAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
			CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
			TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
			GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
			CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
			CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1184.	PC32B8 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGRGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDRVTITADKSTNTAYIELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMAY
				WGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGSDIVMTQSPPSLPVTPGEPASISCRSSK
				SLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI
				SRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQP
				GGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADS
				VKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
				AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
				VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1185.	PC32B8 HL x I2C HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCCGGCAGGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGAACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAACACCGCCTACATCGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA
				TCGTGATGACCCAGTCACCTCCAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GCGTCCATCAGCTGCAAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC

[1522]

				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC
				GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC
				ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA
				TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGC
				ATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG
1186.	PC32D5-H	인공	aa	TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLVQSGAEVVKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGRGLEWIGRID
				PSDSEIIHYDQKFKDRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA
				YWGQGTTVTVSS
1187.	PC32D5-HCDR1	인공	aa	NYWLN
1188.	PC32D5-HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
1189.	PC32D5-HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
1190.	PC32D5-H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGGTGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCCGGCAGGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				A
1191.	PC32D5-L	인공	aa	DIVMTQSPLSLPVTPGESASISCRSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIY

[1523]

				RMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLRISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGT KLEIK
1192.	PC32D5-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1193.	PC32D5-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1194.	PC32D5-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1195.	PC32D5-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGA GTCAGCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACG GCAACACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAG CTGCTGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATT CAGCGGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGG AGGCCGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCC TACACCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1196.	PC32D5-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVVKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGRGLEWIGRID PSDSEIHYDQKFKDRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGESASISCRSS KSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLR ISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIK
1197.	PC32D5-HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGGTGAAGCCTGGCGCCAC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCCGGCAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGTCA GCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGGAGGC CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA

[1524]

[1525]

				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1198.	PC32D5 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVVKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGRGLEWIGRID PSDSEIHYDQKFKDRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGESASISCRSS KSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLR ISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQP GGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADS VKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1199.	PC32D5 HL x I2C HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGGTGAAGCCTGGCGCCAC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCCGGCAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGTCA GCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGGAGGC CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTGGC ATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA AAGACAGGTTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA

				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTG GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1200.	PC17D10-H	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQTPGKGLEWIGRID PSDSEIHYDQKFKDKVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA YWGQGTTVTVSS
1201.	PC17D10-HCDR1	인공	aa	NYWLN
1202.	PC17D10-HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
1203.	PC17D10-HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
1204.	PC17D10-H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC TGAACTGGGTGAAACAGACGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAA AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1205.	PC17D10-L	인공	aa	DIVMTQAPLSLPVTPGEPVSISCRSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIY RMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLRISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGT KLEIK
1206.	PC17D10-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1207.	PC17D10-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1208.	PC17D10-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT

[1526]

1209.	PC17D10-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGGCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGA
				GCCAGTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACG
				GCAACACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAG
				CTGCTGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATT
				CAGCGGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGG
				AGGCCGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCC
				TACACCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1210.	PC17D10-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQTPGKGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDKVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA
				YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQAPLSLPVTPGEPVSISCRS
				SKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTL
				RISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIK
1211.	PC17D10-HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGACGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAA
				AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA
				TCGTGATGACCCAGGCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1212.	PC17D10 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQTPGKGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDKVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA
				YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQAPLSLPVTPGEPVSISCRS
				SKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTL
				RISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQ

[1527]

			PGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD
			SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
			QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
			AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
			VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1213.	PC17D10 HL x I2C HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGACGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAA
				AGTCACCATAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTTGACA
				TCGTGATGACCCAGGCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAGGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC
				GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC
				ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA
				TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGC
				ATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGAGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC

[1528]

[1529]

				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG
1214.	PC16E12-H	인공	aa	TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLVQSGAEVKKPGAPVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQRPGKGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDRVTITVDKSTSTAYIELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMAY
				WGQGTTVTVSS
1215.	PC16E12-HCDR1	인공	aa	NYWLN
1216.	PC16E12-HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
1217.	PC16E12-HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
1218.	PC16E12-H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCCC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGAGGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGTAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGTGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATCGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				A
1219.	PC16E12-L	인공	aa	DIVMTQSPLSLPVTPGEPVSISCRSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIY
				RMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGT
				KLEIK
1220.	PC16E12-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1221.	PC16E12-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1222.	PC16E12-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1223.	PC16E12-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGA
				GCCAGTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACG
				GCAACACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCAG
				CTGCTGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATT
				CAGCGGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGG
				AGGCCGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCC
				TACACCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1224.	PC16E12-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGAPVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQRPGKGLEWIGRID

[1530]

				PSDSEIHYDQKFKDRVTITVDKSTSTAYIELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMAY WGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGEPVSISCRSSK SLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIK
1225.	PC16E12-HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCCC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC TGAACTGGGTGAAACAGAGGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGTAGG ATCGACCCCAGCGACAGCGGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG AGTCACCATAACCGTGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATCGAGCTGT CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA CCTTCGGCCAAGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1226.	PC16E12 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGAPVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQRPGKGLEWIGRID PSDSEIHYDQKFKDRVTITVDKSTSTAYIELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMAY WGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGEPVSISCRSSK SLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKI SRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQP GGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADS VKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1227.	PC16E12 HL x I2C HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCCC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC

[1531]

				TGAACTGGGTGAAACAGAGGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGTAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGTGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATCGAGCTGT
				CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA
				TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC
				GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC
				ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA
				TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGC
				ATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG
				TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1228.	PC08F4-H	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVQQRPGKGLEWIGRID
1229.	PC08F4-HCDR1	인공	aa	PSDSEIHYDQKFKDRVTLTADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA YWGQGTTVTVSS NYWLN

1230.	PC08F4-HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
1231.	PC08F4-HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
1232.	PC08F4-H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC TGAACTGGGTGCAACAGAGGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG AGTCACCCTAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1233.	PC08F4-L	인공	aa	DIVMTQSPLSLPVTPGESASISCRSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIY RMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGT KLEIK
1234.	PC08F4-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1235.	PC08F4-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1236.	PC08F4-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1237.	PC08F4-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGA GTCAGCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACG GCAACACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAG CTGCTGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATT CAGCGGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGG AGGCCGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCC TACACCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1238.	PC08F4-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVQQRPGKGLEWIGRID PSDSEIHYDQKFKDRVTLTADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGESASISCRSS KSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLK ISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIK
1239.	PC08F4-HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC

[1532]

[1533]

			TGAACTGGGTGCAACAGAGGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
			ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
			AGTCACCCTAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT
			CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
			ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
			AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA
			TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGTCA
			GCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
			CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
			TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
			GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
			CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
			CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1240.	PC08F4 HL x I2C HL	인공	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVQQRPGKGLEWIGRID
			PSDSEIHYDQKFKDRVTLTADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCALTGIYAMA
			YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGESASISCRSS
			KSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLK
			ISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQP
			GGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADS
			VKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
			QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
			AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
			VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1241.	PC08F4 HL x I2C HL	인공	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
			AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
			TGAACTGGGTGCAACAGAGGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
			ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
			AGTCACCCTAACCGCGGACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT
			CCAGCCTGAGAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
			ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
			AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACA
			TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGTCA

				GCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC
				GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC
				ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA
				TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGC
				ATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG
				TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1242.	PC16F5-H	인공	aa	EVQLVQSGAEVMKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGKGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDRVTITANKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCALTGIYAMA
				YWGQGTTVTVSS
1243.	PC16F5-HCDR1	인공	aa	NYWLN
1244.	PC16F5-HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
1245.	PC16F5-HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
1246.	PC16F5-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGATGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGGCACCTGGAAAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTGTAGACAAATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA

[1534]

				ACAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
1247.	PC16F5-L	인공	aa	AACCTTGGTCACCGTCTCCTCA
				DIVMTQSPLSLPVTPGEPVSISCRSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIY
				RMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGT
				KLEIK
1248.	PC16F5-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1249.	PC16F5-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1250.	PC16F5-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1251.	PC16F5-L	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAAGCTTCATGTCCGCATCAGTAGGAGA
				CAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTGGGTACTGCTGTAG
				CCTGGTATCAACAGAAACCAGGACAAGCCCCTAAATTACTGATTTACTCG
				GCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGCTTCTCAGGCAGTGGATC
				TGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGTCTGAAGACTTCG
				CAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATCCCATGTATACGTTTGGA
				CAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1252.	PC16F5-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVMKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGKGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDRVTITANKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCALTGIYAMA
				YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGEPVSISCRSS
				KSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLK
				ISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIK
1253.	PC16F5-HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGATGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGCGAACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGACAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGACA
				TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC

[1535]

				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1254.	PC176F5 HL x I2C HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVMKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQAPGKGLEWIGRID
				PSDSEIHYDQKFKDRVTITANKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCALTGIYAMA
				YWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQSPLSLPVTPGEPVSISCRSS
				KSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLK
				ISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQP
				GGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADS
				VKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
				AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
				VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1255.	PC16F5 HL x I2C HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGATGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGGCGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATAGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCATAACCGCGAACAAGAGCACCAGCACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGACAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACA
				TCGTGATGACCCAGTCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GTGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC
				GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC
				ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA
				TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGC

[1536]

				ATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACC TCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1256.	PC17H10-H	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQTPGKGLEWMGRI DPSDSEIHYDQKFKDRVTLTADTSTDTAYMELSSLTSEDTAVYYCALTGIYA MAYWGQGTTVTVSS
1257.	PC17H10-HCDR1	인공	aa	NYWLN
1258.	PC17H10-HCDR2	인공	aa	RIDPSDSEIHYDQKFKD
1259.	PC17H10-HCDR3	인공	aa	TGIYAMAY
1260.	PC17H10-H	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC TGAACTGGGTGAAACAGACGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATGGGCAGG ATCGACCCCAGCGACACGAGATTCCACTACGAACCAGAAGTTCAAGGACAG AGTCACCCTAACCGCGGACACGAGCACCGACACCGCCTACATGGAGCTGT CCAGCCTGACAAGCGAGGACACCGCGGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1261.	PC17H10-L	인공	aa	DIVMTQAPLSLPVTPGEPASISCRSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIY RMSNLASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGT KLEIK
1262.	PC17H10-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1263.	PC17H10-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1264.	PC17H10-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT

[1537]

1265.	PC17H10-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGGCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCAGGCGA
				GCCAGCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACG
				GCAACACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCAG
				CTGCTGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATT
				CAGCGGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGG
				AGGCCGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCC
				TACACCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1266.	PC17H10-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQTPGKGLEWMGRI
				DPSDSEIHYDQKFKDRVTLTADTSTDTAYMELSSLTSEDTAVYYCALTGIYA
				MAYWGQGTTVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQAPLSLPVTPGEPASISC
				RSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDF
				TLKISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIK
1267.	PC17H10-HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGACGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATGGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCCTAACCGCGGACACGAGCACCGACACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGACAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGACA
				TCGTGATGACCCAGGCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAG
1268.	PC17H10 HL X I2C HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGATVKISCKVSGYTFTNYWLNWVKQTPGKGLEWMGRI
				DPSDSEIHYDQKFKDRVTLTADTSTDTAYMELSSLTSEDTAVYYCALTGIYA
				MAYWGQGTTVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQAPLSLPVTPGEPASISC
				RSSKSLLHSNGNTYLYWYLQKPGQSPQLLIYRMSNLASGVPDRFSGSGSGTDF
				TLKISRVEAEDVGVYYCLQHLEYPYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGL

[1538]

[1539]

			VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY
			ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY
			WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
			TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL
			SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1269.	PC17H10 HL X I2C HL	인공	nt	GAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGCGCCGAAGTGAAGAAGCCTGGCGCCAC
				AGTGAAGATATCCTGCAAGGTCAGCGGCTACACCTTCACCAACTACTGGC
				TGAACTGGGTGAAACAGACGCCCGGCAAGGGCCTGGAATGGATGGGCAGG
				ATCGACCCCAGCGACAGCGAGATCCACTACGACCAGAAGTTCAAGGACAG
				AGTCACCCTAACCGCGGACACGAGCACCGACACCGCCTACATGGAGCTGT
				CCAGCCTGACAAGCGAGGACACCGCCGTGTACTATTGCGCCCTGACCGGC
				ATCTACGCCATGGCCTACTGGGGCCAGGGCACCACGGTCACCGTCTCCTC
				AGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTTGACA
				TCGTGATGACCCAGGCACCTCTAAGCCTGCCAGTGACCCCAGGCGAGCCA
				GCGTCCATCAGCTGCAGGTCCAGCAAGAGCCTGCTGCACAGCAACGGCAA
				CACCTACCTGTACTGGTATCTGCAGAAGCCAGGCCAGAGCCCCCAGCTGC
				TGATCTACAGGATGAGCAACCTGGCTAGCGGCGTGCCAGACAGATTCAGC
				GGCAGCGGCTCTGGAACCGACTTCACCCTGAAGATCAGCAGGGTGGAGGC
				CGAGGACGTGGGCGTGTACTACTGCCTGCAGCACCTGGAATACCCCTACA
				CCTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC
				GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC
				ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA
				TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGC
				ATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC

				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTTACTGTGTTCTATGG
1270.	hCD19 5-A9-H	인공	aa	TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				QVQLVQSGAEVVRPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW
				PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT
				VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1271.	hCD19 5-A9-H CDR1	인공	aa	SYWMN
1272.	hCD19 5-A9-H CDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
1273.	hCD19 5-A9-H CDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1274.	hCD19 5-A9-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAGGCCTGGGGCCTC
				AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA
				TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG
				ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG
				AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG
				ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG
				GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1275.	hCD19 5-A9-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQKEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT
				KVEIK
1276.	hCD19 5-A9-L CDR1	인공	aa	KASQSVDYDGTSYLN
1277.	hCD19 5-A9-L CDR2	인공	aa	DASNLVS
1278.	hCD19 5-A9-L CDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
1279.	hCD19 5-A9-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGTGTCTGTAGGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
				CCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC

[1540]

				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGA
				AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1280.	hCD19 5-A9-LH	인공	aa	DIQMTQSPSSLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQKEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT
				KVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVRPGASVKISCKASGYAFTSY
				WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYME
				LSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1281.	hCD19 5-A9-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGTGTCTGTAGGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
				CCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGA
				AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAGGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				A
1282.	hCD19 5-A9 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQKEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT
				KVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVRPGASVKISCKASGYAFTSY
				WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYME
				LSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQL
				VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN

[1541]

[1542]

			SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
			VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
1283.	hCD19 5-A9 LH x I2C HL	인공	GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
			GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGTGTCTGTAGGGGA
			GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
			CCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC
			CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
			TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGA
			AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
			ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
			CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
			GGGCTGAGGTGGTGAGGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
			TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
			TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
			ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
			ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
			CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
			TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
			CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
			TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
			TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
			TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
			AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
			TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
			TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
			TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
			CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
			TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
			CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
			TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
			AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGAGTGAGGCAGAATA

				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
1284.	hCD19 2-C6-H	인공	aa	AACTGACTGTCCTA QVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQAPGQGLEWIGQI
				WPGDGDTNYNGKFKGRVTLTADTSTSTAYMELSSLQSEDTAVYYCARRETT
				TVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1285.	hCD19 2-C6- HCDR1	인공	aa	SYWMN
1286.	hCD19 2-C6- HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
1287.	hCD19 2-C6- HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1288.	hCD19 2-C6-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGGCCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGTCACTCTGACTGCTGACACATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTACAATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1289.	hCD19 2-C6-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCKASQSVDYDGSSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTIHSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIK
1290.	hCD19 2-C6- LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGSSYLN
1291.	hCD19 2-C6- LCDR2	인공	aa	DASNLVS
1292.	hCD19 2-C6- LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
1293.	hCD19 2-C6-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG

[1543]

				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGCAGC
				CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1294.	hCD19 2-C6-LH	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCKASQSVDYDGSSYLNWYQQKPGKAPKLLIY
				DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTIHSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG
				TKVEIKGGGSGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYAFTS
				YWMNWVRQAPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTLTADTSTSTAYM
				ELSSLQSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1295.	hCD19 2-C6-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT
				CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGCAGC
				CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGGCCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTCTGACTGCTGACAC
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTACAATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				A
1296.	hCD19 2-C6 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCKASQSVDYDGSSYLNWYQQKPGKAPKLLIY
				DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTIHSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG
				TKVEIKGGGSGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAEVKKPGASVKISCKASGYAFTS
				YWMNWVRQAPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTLTADTSTSTAYM
				ELSSLQSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQ
				LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT

[1544]

				VTLTCGSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
1297.	hCD19 2-C6 LH x I2C HL	인공	nt	GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGCAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGGCCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTCTGACTGCTGACAC ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTACAATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGT CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA

[1545]

				AACTGACTGTCCTA
1298.	hCD19 4-C7-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1299.	hCD19 4-C7- HCDR1	인공	aa	SYWMN
1300.	hCD19 4-C7- HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
1301.	hCD19 4-C7- HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1302.	hCD19 4-C7-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1303.	hCD19 4-C7-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQPPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISPLEQEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIK
1304.	hCD19 4-C7- LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGSSYLN
1305.	hCD19 4-C7- LCDR2	인공	aa	DASNLVS
1306.	hCD19 4-C7- LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
1307.	hCD19 4-C7-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTCTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGCCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTCCTCTGGAGC

[1546]

				AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
1308.	hCD19 4-C7-LH	인공	aa	ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
				DIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQPPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISPLEQEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT
				KVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSY
				WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYME
				LSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1309.	hCD19 4-C7-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTCTAGGGGA
				CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTTGATTATGATGGTA
				CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTCCTCTGGAGC
				AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				A
1310.	hCD19 4-C7 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASLGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQPPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISPLEQEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT
				KVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSY
				WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYME
				LSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQL
				VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL

[1547]

[1548]

1311.	hCD19 4-C7 LH x I2C HL	인공	nt
			GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
			GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTCTAGGGGA
			CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
			CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGCCACCCAAACTC
			CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
			TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTCCTCTGGAGC
			AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
			ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
			CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
			GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
			TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
			TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
			ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
			ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
			CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
			TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
			CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
			TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
			TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
			GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
			TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
			AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
			TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
			TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
			TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
			CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
			TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
			CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
			TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGC
			AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
			TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
			AACTGACTGTCCTA

1312.	hCD19 2-D7-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1313.	hCD19 2-D7-HCDR1	인공	aa	SYWMN
1314.	hCD19 2-D7-HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
1315.	hCD19 2-D7-HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1316.	hCD19 2-D7-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTGGCATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1317.	hCD19 2-D7-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCKASQSVDYDGSSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTIHSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIK
1318.	hCD19 2-D7-LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGSSYLN
1319.	hCD19 2-D7-LCDR2	인공	aa	DASNLVS
1320.	hCD19 2-D7-LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
1321.	hCD19 2-D7-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGCAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG

[1549]

1322.	hCD19 2-D7-LH	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCKASQSVDYDGSSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTIHSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1323.	hCD19 2-D7-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGCAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1324.	hCD19 2-D7 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGERVTITCKASQSVDYDGSSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPPRFSGSGSGTDFTLTIHSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL

[1550]

1325.	hCD19 2-D7 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTT
				CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCACCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCCATTCTCTGCAGC
				CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGGCTTACTGTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
1326.	hCD19 2-D4-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW

[1551]

1327.	hCD19 2-D4-HCDR1	인공	aa	SYWMN
				VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
				PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT
1328.	hCD19 2-D4-HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
1329.	hCD19 2-D4-HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1330.	hCD19 2-D4-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTC
				AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA
				TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG
				ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG
				AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG
				ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG
				GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1331.	hCD19 2-D4-L	인공	aa	DIQMTQSPASLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT
				KVEIK
1332.	hCD19 2-D4-LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGSSYLN
1333.	hCD19 2-D4-LCDR2	인공	aa	DASNLVS
1334.	hCD19 2-D4-LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
1335.	hCD19 2-D4-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGTGTCTCTGTAGGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
				CCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGC
				CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA

[1552]

1336.	hCD19 2-D4-LH	인공	aa	DIQMTQSPASLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIKGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSY WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYME LSSLRSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1337.	hCD19 2-D4-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGTGTCTGTAGGGGA GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA CCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1338.	hCD19 2-D4 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPASLSVSVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIKGGGSGGGSGGGSGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSY WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYME LSSLRSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1339.	hCD19 2-D4 LH x	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGTCTGTGTCTGTAGGGGA

[1553]

				I2C HL
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
				CCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGCAGC
				CGGAGGATTTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
1340.	hCD19 5-G3-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW
				PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT

[1554]

1341.	hCD19 5-G3-HCDR1	인공	aa	VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1342.	hCD19 5-G3-HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
1343.	hCD19 5-G3-HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1344.	hCD19 5-G3-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1345.	hCD19 5-G3-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGLSYLNWYQQKPGQAPKLLIY DASNLVSGIPSRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIK
1346.	hCD19 5-G3-LCDR1	인공	aa	KASQSVDYDGSSYLN
1347.	hCD19 5-G3-LCDR2	인공	aa	DASNLVS
1348.	hCD19 5-G3-LCDR3	인공	aa	QQSTEDPWT
1349.	hCD19 5-G3-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGGAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1350.	hCD19 5-G3-LH	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGLSYLNWYQQKPGQAPKLLIY

[1555]

				DASNLVSGIPSRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIKGGGGSGGGGSGGGGS QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1351.	hCD19 5-G3-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGGAGC CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1352.	hCD19 5-G3 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGLSYLNWYQQKPGQAPKLLIY DASNLVSGIPSRFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFATYYCQQSTEDPWTFGQGT KVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSY WMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYME LSSLRSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL

[1556]

1353.	hCD19 5-G3 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGA
				CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTC
				TCAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGATCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAGTTCTCTGGAGC
				CGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTCACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
1354.	hCD19 4-E10-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW

[1557]

				PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT
1355.	hCD19 4-E10-HCDR1	인공	aa	VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1356.	hCD19 4-E10-HCDR2	인공	aa	SYWMN
				QIWPGDGDTNYNGKFKG
1357.	hCD19 4-E10-HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1358.	hCD19 4-E10-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1359.	hCD19 4-E10-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLNISSVQPEDVATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIK
1360.	hCD19 4-E10-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1361.	hCD19 4-E10-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1362.	hCD19 4-E10-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1363.	hCD19 4-E10-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCAGTTCTGTGCAGC CGGAGGATGTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA

[1558]

1364.	hCD19 4-E10-LH	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLNISSVQPEDVATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1365.	hCD19 4-E10-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCAGTTCTGTGCAGC CGGAGGATGTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTGAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1366.	hCD19 4-E10 LH x I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGQAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLNISSVQPEDVATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1367.	hCD19 4-E10 LH x	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA

[1559]

				I2C HL
1368.				CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTTGATTATGATGGTA
				CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCAGTTCTGTGCAGC
				CGGAGGATGTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
1368.	hCD19 4-E3-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW
				PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT

[1560]

1369.	hCD19 4-E3-HCDR1	인공	aa	VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
				SYWMN
1370.	hCD19 4-E3-HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
				QIWPGDGDTNYNGKFKG
1371.	hCD19 4-E3-HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1372.	hCD19 4-E3-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTC
				AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA
				TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG
				ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG
				AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG
				ACTACGACGGTAGGCCGTTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG
				GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1373.	hCD19 4-E3-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLAASVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGKAPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTINSLEKEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG
				TKVEIK
1374.	hCD19 4-E3-LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1375.	hCD19 4-E3-LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1376.	hCD19 4-E3-LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1377.	hCD19 4-E3-L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGGCTGCGTCTGTAGGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
				CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAATTCTCTGGAGA
				AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1378.	hCD19 4-E3-LH	인공	aa	DIQMTQSPSSLAASVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGKAPKLLIY

[1561]

				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTINSLEKEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG
				TKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS
				YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM
				ELSSLRSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS
1379.	hCD19 4-E3-LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGGCTGCGTCTGTAGGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA
				CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAATTCTCTGGAGA
				AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				A
1380.	hCD19 4-E3 LH X I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLAASVGERVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGKAPKLLIY
				DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLTINSLEKEDFATYYCQQSTEDPWTFGQG
				TKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS
				YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM
				ELSSLRSEDTAVYYCARRETTTVGRYYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGSEVQ
				LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
1381.	hCD19 4-E3 LH X I2C HL	인공	nt	GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
				GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGGCTGCGTCTGTAGGGGA
				GAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA

[1562]

[1563]

1382.		인공	aa	CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCACCATCAATTCTCTGGAGA
				AGGAGGATTTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATTGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TGCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
	hCD19 3-H7 -H		aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTSYWMNWVRQRPGQGLEWIGQIW
				PGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRETTT
				VGRYYYAMDYWGQGTTVTVSS

1383.	hCD19 3-H7 - HCDR1	인공	aa	SYWMN
1384.	hCD19 3-H7 - HCDR2	인공	aa	QIWPGDGDTNYNGKFKG
1385.	hCD19 3-H7 - HCDR3	인공	aa	RETTTVGRYYYAMDY
1386.	hCD19 3-H7 -H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTC AGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTTCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGA TGAACTGGGTGAGGCAGCGCCCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAG ATTTGGCCTGGAGATGGTGATACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAG AGTCACTATGACTGCTGACGAATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTGCGATCTGAGGACACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAG ACTACGACGGTAGGCCGTTATTACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGG GACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1387.	hCD19 3-H7 - L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLNISSLQPEDVATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIK
1388.	hCD19 3-H7 - LCDR1	인공	aa	RSSKSLLHSNGNTYLY
1389.	hCD19 3-H7 - LCDR2	인공	aa	RMSNLAS
1390.	hCD19 3-H7 - LCDR3	인공	aa	LQHLEYPYT
1391.	hCD19 3-H7 -L	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTTA CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCAGTTCTCTGCAGC CGGAGGATGTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1392.	hCD19 3-H7 -LH	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLNISSLQPEDVATYYCQQSTEDPWTFGQG

[1564]

				TKVEIKGGGGSGGGGSGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYAMDYWGQGTTVTVSS
1393.	hCD19 3-H7 -LH	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCAGTTCTCTGCAGC CGGAGGATGTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTTCTGG CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTC A
1394.	hCD19 3-H7 LH X I2C HL	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQSVDYDGTSYLNWYQQKPGKAPKLLIY DASNLVSGVPSRFSGSGSGTDFTLNISSLQPEDVATYYCQQSTEDPWTFGQG TKVEIKGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVVKPGASVKISCKASGYAFTS YWMNWVRQRPGQGLEWIGQIWPGDGDTNYNGKFKGRVTMTADESTSTAYM ELSSLRSEDTAVYYCARRETTVGRYYAMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQ LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1395.	hCD19 3-H7 LH X I2C HL	인공	nt	GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCTTTGTCTGCGTCTGTAGGGGA CAGAGTCACCATCACCTGCAAGGCCAGCCAAAGTGTTGATTATGATGGTA

[1565]

				CGAGTTATTTGAACTGGTACCAACAGAAACCAGGAAAGGCACCCAAACTC
				CTCATCTATGATGCATCCAATCTAGTTTCTGGGGTCCCATCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCAGTTCTCTGCAGC
				CGGAGGATGTCGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTACTGAGGATCCGTGG
				ACGTTCGGTCAAGGGACCAAGGTGGAGATCAAAGGTGGTGGTGGTTCTGG
				CGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTG
				GGGCTGAGGTGGTGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCT
				TCTGGCTATGCATTCACTAGCTACTGGATGAACTGGGTGAGGCAGCGCCC
				TGGACAGGGTCTTGAGTGGATTGGACAGATTTGGCCTGGAGATGGTGAT
				ACTAACTACAATGGAAAGTTCAAGGGTAGAGTCACTATGACTGCTGACGA
				ATCCACCAGCACAGCCTACATGGAACTCAGCAGCCTGCGATCTGAGGACA
				CTGCGGTCTATTACTGTGCAAGACGGGAGACTACGACGGTAGGCCGTTAT
				TACTATGCTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCACGGTCACCGTCTCCTC
				CGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGG
				TGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACC
				TTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTT
				GGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATAT
				TATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAA
				AAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCG
				TGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTAC
				TGGGCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGG
				TGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGA
				CTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACT
				TGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGT
				CCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGT
				TCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGC
				AAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATA
				TTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCA
				AACTGACTGTCCTA
1396.	c-MET-1	인공	nt	atgggatggagctgtatcatcctcttcttggtagcaacagctacaggtgtacactccgagtgtaaagagsca
				ctagcaaagtccgagatgaatgtgaatatgaagtatcagcttcccaacttcaccgcggaaacacccatcca

[1566]

[1567]

gaatgtcattctacatgagcatcacatttcctttgtgtgccactaactactacatttatgtttaaatgaggaaagacctt				
cagaaggttgctgagtacaagactgggcctgtgctggaacacccagattgtttcccatgtcaggactgcag				
cagcaaagccaatttatcaggaggtgtttggaaagataacatcaacatggctctagttgtggacacactatat				
gatgatcaactcatttagctgtggcagcgtcacagaggggacctgccagcgacatgtctttcccacaatcat				
actgctgacatacagtcggaggttcactgcatatctcccacagatagaagagcccagccagtgtcctga				
ctgtgtggtgagcgcccttggagccaaagtccttcatctgtaaggaccggttcatcaacttctttgtaggc				
aataccataaatttcttcttatttcccagatcatccattgcatttgatatcagtgaagaggctaaaggaaacgaa				
agatggttttatgttttgacggaccagtcctacattgatgttttaccttgagttcagagattctacccctattaagt				
atgtccatgccttttgaaagcaacaatttattacttctgacggtccaaaggaaaactctagatgcctcagactt				
ttcacacaagaataatcaggttctgttccataaactctggattgcattcctacatggaaatgccttctgagtgt				
attctcacagaaaagagaaaaaagagatccacaaagaaggaagtgtttaatatacttcaggctgctgtatgtc				
agcaagcctgggcccagcttgctagacaaatagggagccagcctgaatgatgacattcttttcgggtgttc				
gcacaaagcaagccagattctgccgaaccaatggatcgatctgccatgtgtgcattccctatcaaatatgtc				
aacgacttcttcaacaagatcgtcaacaaaaacaatgtgagatgtctccagcatttttacggacccatctg				
agcactgctttaataggacacttctgaggaaattcatcaggctgtgaagcgccgtgatgaatatcgaacag				
agtttaccacagcttgcagcgcgttgacttattcatgggtcaattcagcgaagtcctcttaacatctatatcca				
ccttcattaaaggagacctcacatagctaatcttgggacatcagaggctgccttcatgcaggttgtggtttct				
cgatcaggaccatcaacccctcatgtgaatttttcttctggactcccatccagtgtctccagaagtgattgtgg				
agcatacattaaaccaaaatggctacacactggttatcactgggaagaagatcacgaagatcccattgaatg				
gcttggctgcagacatttccagtcctgcagtcaatgcctctctgccccacccttttgttcagtgtggctggtgc				
cacgacaaatgtgtcgatcgggaggaatgcctgagcgggacatggactcaacagatctgtctgcctgcaat				
ctacaaggtttttcccaaatagtgcacccctttgaaggaggagacaaggctgaccatatgtggctgggacttttgg				
atttcggaggaatataaatttgatttaaagaaaactagagttctcctttggaaatgagagctgcaccttgacttt				
aagtgagagcacgatgaatacattgaaatgcacagtttggtcctgccatgaataagcatttcaatatgttccata				
attatttcaatggccacgggacacacaatacagtacatttctcctatgtggatcctgtaaataacaagtatttc				
gccgaaatacggtcctatggctggtggcacttiactttactgtaaattacctaaacagtgggaatagc				
agacacatttcaattggtggaaaaacatgtacttttaaaaagtgttcaaacagtatttcttgaatgttataccc				
agcccaaaccatttcaactgagtttgctgttaaatgaaaattgacttagccaaccgagagacaagcatcttc				
agttaccgtgaagatcccattgtctatgaaattcatccaaccaaatctttattatgtggtgggagcacaataac				
aggtgttgggaaaaacctgaactcagttagtgtcccgagaatggtcataaatgttgcatgaagcaggaagga				
acttacagtggcatgtcaacatcgctctaattcagagataatctgttgtaccactcttccctgcaacagctg				
aatctgcaactccccctgaaaaccaaagcctttttcatgttagatgggatcctttccaaatactttgatctcattt				

				atgtacataatcctgtgtttaagccttttgaaaagccagtgatgatctcaatgggcaatgaaaatgtactggaa attaagggaaatgatattgaccctgaagcagttaaaggtgaagtgttaaaagttggaaataagagctgtgag aatatacacttacattctgaagccgttttatgcacggtccccaatgacctgctgaaattgaacagcgagctaa atatagagtggaagcaagcaatttcttcaaccgtccttggaaaagtaatagttcaaccagatcagaatttcac atccggaggtggtggatccggggctggtgttattgctgttattgtggttgtggtgatagcaattgttgctggaa ttgttgtgctggttatttccagaaagaagagaatggcaaagtatgagaaggctgagataaaggagatgggtg agatgcatagggaactcaatgcataa
1397.	c-MET-2	인공	aa	mgwsciilflvatatgvhseckealaksemnvnmkyqlpnftaetpiqnvilhehhiflgatnyiyvlneed lqkvaeyktgpvlehpdcfpcqdcsskanlsggvwkdninmalvvdtyyddqliscgsvnrgtcqrhvf phnhtadiqsevhcifspqieepsqcpdcvvsalgakvlssvkdrfinffvgntinssyfpdhplhsisvrrl ketkdgfmfltdqsyidvlpefrdsypikyvhafesnnfiyfltvqretldaqtfhtriirfcsinsglhsyme mpleciltekrkkrstkkevfniiqaayvskpgaqlarqigaslnddilfgvfaqskpdsaepmdrsamcaf pikyvndffnkivnknnvrclqhfygpnhehcfnrtllrnssgcearrdeyrtefttalqrvdlfmgqfsevll tsistfikgdltianlgtsegrfmqvvvsrsgpstphvnflldshpvspevivehtlnqngytlvitgkkitkipl nglgcrhfqscsqclsappfvqcgwchdkcvrseeclsgtwtqqiclpaiykvfpnsapleggtrlticgw dfgfrrnnkfdlkktrvllgnesctltlsestmntlkctvgpamnkhfnmsiiisnghgttqystfsyvdpvit sispkygpmaggtlltltgnylnsgnsrhisiggktctlksvsnsilecytpaqtistefavklkidlanretsif syredpivyeihptksfisggstitgvgknlnsvsvprmvinvheagrnftvacqhrsnseiiccttpslqql nlqlplktkaffmldgilskyfdliyvhnpvfkpfekpvmismgnenvleikgndidpeavkgevlkvgnk scenihlhseavlctvpndilklnselniewkqaisstvlgkvivqpdqnftsggggsgagviavivvvviai vagivvlvisrkkrmakyekaeikemgemhrelna
1398.	c-MET-3	인공	nt	atgggatggagctgtatcatcctcttcttggtagcaacagctacaggtgtacactccgagtgtaaagaggca ctagcaaagtccgagatgaatgtgaatatgaagtatcagcttcccaacttcaccgcggaaacagccatcca gaatgtcattctacatgagcatcacattttcctcggtgccaccaactacatttatgttttaaatgaggaagacct tcagaaggttgctgagtacaagaccgggcctgtgctggaacacccagattgtttcccgtgtcaggactgca gcagcaaagccaatttatcaggaggcgtttggaaagataacatcaacatggctctggttgtggacacctact atgatgatcaactcattagctgtggcagcgtcaacagagggacctgccagcgacatgtctttccccataatc atactgctgacatacagtcggaggttcactgcatattctccccacagatagaagagcccaaccagtgccct gactgtgtggtgagcgccctgggagccaaagtcctttcatctgtaaaggaccggttcatcaacttctttgtag gcaataccataaattcttcttatttcccacatcatccgttgcattcgatatcagtgagaaggctaaaggaaacg aaagatggttttatgtttttgacagaccagtcctacattgatgttttacctgagttcagagattcttaccccatta agtacatccacgcttttgaaagcaacaattttatttacttcttgacggtccaaagggaaactctaaatgctcag

[1568]

				actttcacacaagaatatcaggttctgttccttaaactctggattgcactcctcacatggaaatgcctctaga
				gtgtatctcacagaaaagagaaaaaagagatccacaaagaaggaagtgtttaatatccttcaggctgcata
				tgtcagcaagcccgggggcccagctgctagacaatagagagcccagcctgaatgatgacattctcttgggg
				tgttcgcacaagcaagccagattctgccgaaccaatggatcgaatgtgcaattcctatcaaata
				tgtcaacgacttcttcaacaagatcgtcaacaaaaacaatgtgagatgtctccagcatttttatggacccaat
				catgagcactgtttaatagagacacttctgagaaattcatcaggctgtgaagcggccgtgatgaatatcgag
				cagagtttaccacagcttgcagcgggttgacttattcatgggtcaattcagcgaagtcctcttaacatctatat
				ccaccttcgtgaaagagagacctcaccatcgctaatctgggacatcagagggtcgcttcatgcaggttgtgg
				tttctcgatcaggaccatcaaccccttcatgtgaatttctcctggactctcacccggtgtctccagaagtgatt
				gtggagcatccattaaaccagaatggctacacactggtgtcacggggaagaagatcaccaagatcccatt
				gaatggcttgggctgcagacatttccagtcctgcagtcagtgccttctgccccaccctttgtgcagtgtggc
				tggtgccacgacaaatgtgtgcgatcgggagaatgccccagtgggacatggactcaacagatctgtgcc
				tgcaatctacaaggtttcccaactagtgcacccctgaaggaggcacaggctgaccatatgtggctggg
				actttggatttcgggggaatataaatttgatttaaagaaaactagagttcttcctgggaaatgagagctgcacc
				ttgacttaagtgagagcacgatgaatacattgaaatgcacagttggttcctgccatgaataaacatttcaatat
				gtccataattattcaaatggccacgggacacacaatacagtacatttcctatgtggatcctataataacaa
				gtattctgccaaaatatggccctatggctggtgcactttactttaactggaaattacctaaacagtggc
				aattctagacacatttcaattggtgtgaaaaacatgtacttaaaaagtgtgtcaaacagtatttctgaatgttat
				accccagcccaaaccattcaactgagtttgctgttaaattgaaaattgacttagcccaacccgagagacaagc
				atcttcagttaccgggaagacccccatgtctatgaaattcatccaaccaaaatcttttattagtggtgggagcac
				aataacaggtgttggaaaaacctgcattcagttagtgtcccgaggatggtcataaatgtgcatgaagcagg
				aaggaacttacagtggcatgtcagcatcgctctaattcagagataatctgctgtaccactcctccctgcaa
				cagctgaatctgcaactcccccctgaaaaccaaagccttttcatgttagatgggatcctttccaaatacttga
				tctcatttatgtacataatcctgtgtttaagccttttgaaaagccagtaatgatctcaatgggcaatgaaaatgt
				actggaaattaaggaaatgatattgaccctgaagcagttaaaggtgaagtgttaaaagtggaaataagag
				ctgtgagaatacacttacattctgaagccgttttatgcacggtcccaatgacctgctgaaattgaacagc
				gagctaaatatagagtggaagcaagcaatttcttcaaccgtcctttggaaaagtaatagttcaaccagatcag
				aatttcacctccggaggtggtggatccgggcctgttgttattgctgttattggttgtggtgatagcaattgtt
				gctggaattgttgtgctggttattccagaaagaagaatggccaaagtatatgagaagcctgagataaagga
				gatgggtgagatgcataggaactcaatgcataa
1399.	c-MET-4	인공	aa	mgwsciilflvatatgvhseckealaksemnvnmkyqlpnftaetaiqnvilhehhiflgatnyiyvlneedl qkvaeyktgpvlehpdcfpcqdcsskanlsggvwkdninmalvvdtyyddqlisegsvnrgtcqrhvfp

[1569]

				hnhitadiqsevhcifspqieepnqcpdcvvsalgakvlssvkdrfinffvgntinssyfphhplhsisvrrlk etkdgfmfltdqsyidvlpefrdsypikyihafesnnfiyfltvqretlnaqtfhtriirfcslnsglhsymemp leciltekrkkkrstkkevfnilqaayvskpgaqlarqigaslnddilfgvfaqskpdsaepmdrsamcafpik yvndffnkivnknnvrclqhfygpnhehcfnrtllrnssgcearrdeyraefttalqrvdlfmgqfsevlltsi stfvkgdltianlgtsegrfmqvvvsrsgpstphvnflldshpvspevivehplnqngytlvvtgkkitkipln glgcrhfqscsqclsappfvqcgwchdkcvrseecpsgtwtqqiclpaiykvfptsapleggrlticgwdf gfrrnnkfdlkktrvllgnescttltlsestnntlkctvgpamnkhfnmsiiisnghgttqystfsyvdpiitsis pkygpmaggtlltltgnylnsgnsrhsiggktctlksvsnsilecytpaqtistefavklkidlanretsifsyr edpivyeihptksfisggstitgvgknlhsvsvprmvinvheagrnftvacqhrsnseiicctpslqqlnlql plkttkaffmldgilskyfdliyvhnpvfkpfekpvmismgnenvleikgndidpeavkgevlkvgnksce nihlhseavlctvpndllklnselniewkqaisstvlgkvivapdqnftsgggsgagviavivvvviaivagi vvlvisrkkrmakyekaeikemgemhrelna
1400.	ME86H11-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCRASGYTFTSYWLHWVRQGPGQRLEWIGMID PSNSDTRFNPNFKDRATFTVDTSASTAYMELSSLTSEDTAVYYCATYGSYVS PLDYWGQGTSVTVSS
1401.	ME86H11-HCDR1	인공	aa	SYWLH
1402.	ME86H11-HCDR2	인공	aa	MIDPSNSDTRFNPNFKD
1403.	ME86H11-HCDR3	인공	aa	YGSYVSPLDY
1404.	ME86H11-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGAAGAGGCCTGGGGCTTC AGTGAAAGTGTCCTGCAGGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT TGCACTGGGTTAGACAGGGGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG GGCCACATTCACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATTGAAGCTCA GCAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT CTCCTCA
1405.	ME86H11-L	인공	aa	DIVMTQTPFSLPVTLGETVSISCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLI YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYYAYPWTFGG GTKLEIK
1406.	ME86H11-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYTSSQKNYLA
1407.	ME86H11-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1408.	ME86H11-LCDR3	인공	aa	QQYYAYPWT

[1570]

1409.	ME86H11-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGACTCCATTCTCCCTACCTGTGACACTTGGAGA
				GACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAGCA
				GTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTCCT
				CAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAGAG
				TGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCTA
				TCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1410.	ME86H11-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCRASGYTFTSYWLHWVRQGPGQRLEWIGMID
				PSNSDTRFNPNFKDRATFTVDTSASTAYMELSSLTSEDTAVYYCATYGSYVS
				PLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTLGETVSIS
				CKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGT
				DFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIK
1411.	ME86H11-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGAAGAGGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAGGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGGGGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGCCACATTCACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCATTCTCCCTACCTGTGACACTTGGA
				GAGACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1412.	ME86H11 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCRASGYTFTSYWLHWVRQGPGQRLEWIGMID
				PSNSDTRFNPNFKDRATFTVDTSASTAYMELSSLTSEDTAVYYCATYGSYVS
				PLDYWGQGTSVTVSSGGGSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTLGETVSIS
				CKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSGT
				DFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESG

[1571]

			GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
			TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
			WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
			GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
			LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1413.	ME86H11 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGAAGAGGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAGGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGGGGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGCCACATTCACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCATTCTCCCTACCTGTGACACTTGGA
				GAGACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGATCAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC

[1572]

				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1414.	ME62A12-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVRQTPGQGLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDKVTFTVDTSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSS
1415.	ME62A12-HCDR1	인공	aa	SYWLH
1416.	ME62A12-HCDR2	인공	aa	MIDPSNSDTRFNPNFKD
1417.	ME62A12-HCDR3	인공	aa	YGSYVSPLDY
1418.	ME62A12-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGGTGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGACGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAA
				GGTCACATTCACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCA
1419.	ME62A12-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTLGEKVSVSCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISRVEAEDLGVYYCQQYYAYPWTFGG
				GTKLEIK
1420.	ME62A12-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYTSSQKNYLA
1421.	ME62A12-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1422.	ME62A12-LCDR3	인공	aa	QQYYAYPWT
1423.	ME62A12-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACACTTGGAGA
				GAAGGTTTCTGTCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAGCA
				GTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGTCAGTCTCCT
				AAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATCTCCAGAG
				TGGAGGCTGAGGACCTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCTAT
				CCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1424.	ME62A12-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVRQTPGQGLEWIGMI

[1573]

			DPSNSDTRFNPNFKDKVTFTVDTSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
			SPLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTLGEKVSV
			SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG
			TDFTLTISRVEAEDLGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIK
1425.	ME62A12-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGGTGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGGTTAGACAGACGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAA
				GGTCACATTCACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACACTTGGA
				GAGAAGGTTTCTGTCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACCTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1426.	ME62A12 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVRQTPGQGLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDKVTFTVDTSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTLGEKVSV
				SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG
				TDFTLTISRVEAEDLGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1427.	ME62A12 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGGTGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGACGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGGCATG

[1574]

[1575]

				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAA
				GGTCACATTCACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACACTTGGA
				GAGAAGGTTTCTGTCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACCTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1428.	ME63F2-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVRQTPGQRLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRVTMTVDTSANTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSY
				VSPLDYWGQGTSVTVSS
1429.	ME63F2-HCDR1	인공	aa	SYWLH

1430.	ME63F2-HCDR2	인공	aa	MIDPSNSDTRFNPNFKD
1431.	ME63F2-HCDR3	인공	aa	YGSYVSPLDY
1432.	ME63F2-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGAAGAGGCCTGGGGCTTC AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT TGCACTGGGTTAGACAGACGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG GGTCACAATGACTGTAGACACATCTGCCAACACAGCCTACATGGAACTCA GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGTGCCACATATGGT AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT CTCCTCA
1433.	ME63F2-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTVGEQASISCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLLI YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDLGVYYCQQYYAYPWTFGG GTKLEIK
1434.	ME63F2-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYTSSQKNYLA
1435.	ME63F2-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1436.	ME63F2-LCDR3	인공	aa	QQYYAYPWT
1437.	ME63F2-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACAGTTGGAGA GCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAGCA GTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGTCAGTCTCCT AAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAGAG TGGAGGCTGAGGACCTGGGAGTTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCTAT CCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1438.	ME63F2-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVRQTPGQRLEWIGMI DPSNSDTRFNPNFKDRVTMTVDTSANTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSY VSPLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTVGEQAS ISCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGS GTDFTLKISRVEAEDLGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIK
1439.	ME63F2-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGAAGAGGCCTGGGGCTTC AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT TGCACTGGGTTAGACAGACGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG

[1576]

				GGTCACAATGACTGTAGACACATCTGCCAACACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACAGTTGGA
				GAGCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACCTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1440.	ME63F2 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVRQTPGQRLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRVTMTVDTSANTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSY
				VSPLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTVGEQAS
				ISCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGS
				GTDFTLKISRVEAEDLGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVES
				GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
				ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTVGEQAS
				CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA
				ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1441.	ME63F2 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGAAGAGGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGACGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGTCACAATGACTGTAGACACATCTGCCAACACAGCCTACATGGAACTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACAGTTGGA
				GAGCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGTCAGTCTC

[1577]

[1578]

				CTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACCTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1442.	MB62D11-H	인공	aa	QVQLVQSGPEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVKQAPGQGLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRATLTVDTSASTAYMLLSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSS
1443.	MB62D11-HCDR1	인공	aa	SYWLH
1444.	MB62D11-HCDR2	인공	aa	MIDPSNSDTRFNPNFKD
1445.	MB62D11-HCDR3	인공	aa	YGSYVSPLDY
1446.	MB62D11-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGCCTGAAGTGGTGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAAACAGGCGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGCCACATTGACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGCTACTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT

				AGCTAGGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT CTCCTCA
1447.	ME62D11-L	인공	aa	DIVMTQTPSSLPVTLGETVSISCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLI YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISRVKAEDVAVYYCQQYYAYPWTFGG GTKLEIK
1448.	ME62D11-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYTSSQKNYLA
1449.	ME62D11-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1450.	ME62D11-LCDR3	인공	aa	QQYYAYPWT
1451.	ME62D11-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGACTCCATCCTCCCTACCTGTGACACTTGGAGA GACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAGCA GTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTCCT CAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATCTCCAGAG TGAAGGCTGAGGACGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCTAT CCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1452.	ME62D11-HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVKQAPGQGLEWIGMI DPSNSDTRFNPNFKDRATLTVDTSASTAYMLLSSLRSEDTAVYYCATYGSYV SPLDYWGQGTSVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPSSLPVTLGETVSI SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG TDFTLTISRVKAEDVAVYYCQQYYAYPWTFGGTKLEIK
1453.	ME62D11-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGCCTGAAGTGGTGAAGCCTGGGGCTTC AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT TGCACTGGGTTAAACAGGCGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGCATG ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG GGCCACATTGACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGCTACTCA GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT CTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCATCCTCCCTACCTGTGACACTTGGA GAGACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC CTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT

[1579]

[1580]

				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATCTCCAG
				AGTGAAGGCTGAGGACGTGGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1454.	ME62D11 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVVKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVKQAPGQGLEWIGMI DPSNSDTRFNPNFKDRATLTVDTSASTAYMLLSSLRSEDTAVYYCATYGSYV SPLDYWGQGTSVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPSSLPVTLGETVSI SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG TDFTLTISRVKAEDVAVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVES GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1455.	ME62D11 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGCCTGAAGTGGTGAAGCCTGGGGCTTC AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT TGCACTGGGTTAAACAGGCGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGCATG ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG GGCCACATTGACTGTAGACACATCTGCCAGCACAGCCTACATGCTACTCA GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCATCCTCCCTACCTGTGACACTTGGA GAGACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC CTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACAATCTCCAG AGTGAAGCTGAGGACGTGGCAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAATCGGAGGT GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA

				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCGGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
1456.	ME62C10-H	인공	aa	GTCCTA
				QVQLVQSGAELKKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVKQAPGQRLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRVTITVDTSANTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSS
1457.	ME62C10-HCDR1	인공	aa	SYWLH
1458.	ME62C10-HCDR2	인공	aa	MIDPSNSDTRFNPNFKD
1459.	ME62C10-HCDR3	인공	aa	YGSYVSPLDY
1460.	ME62C10-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAACTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAAACAGGCGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGTCACAATCACTGTAGACACATCTGCCAACACAGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCA
1461.	ME62C10-L	인공	aa	DIVMTQTPPSLTVTPGEQVSISCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPKLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISSVEADDVGVYYCQQYYAYPWTFGG
				GTKLEIK
1462.	ME62C10-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYTSSQKNYLA
1463.	ME62C10-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1464.	ME62C10-LCDR3	인공	aa	QQYYAYPWT

[1581]

1465.	ME62C10-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGACTCCACCCTCCCTAACTGTGACACCTGGAGA
				GCAGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAGCA
				GTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTCCT
				AAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAGTG
				TGGAGGCTGACGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCTAT
				CCGTTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1466.	ME62C10-HL	인공	aa	QVQLVQSGAELKKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVKQAPGQRLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRVTITVDTSANTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPPSLTVTPGEQVSI
				SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG
				TDFTLKISSVEADDVGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIK
1467.	ME62C10-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAACTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAAACAGGCGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGTCACAATCACTGTAGACACATCTGCCAACACAGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCACCCTCCCTAACTGTGACACCTGGA
				GAGCAGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
				TGTGGAGGCTGACGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1468.	ME62C10 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAELKKPGASVKVSCKASGYTFTSYWLHWVKQAPGQRLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRVTITVDTSANTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPPSLTVTPGEQVSI
				SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG
				TDFTLKISSVEADDVGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIKSGGGSEVQLVES

[1582]

			GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
			ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
			YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT
			CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA
			ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1469.	ME62C10 HL x I2C HL	인공	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAACTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
			AGTGAAAGTGTCCTGCAAGGCTTCGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
			TGCACTGGGTTAAACAGGCGCCTGGACAAAGGCTTGAGTGGATAGGCATG
			ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
			GGTCACAATCACTGTAGACACATCTGCCAACACAGCCTACATGGAGCTCA
			GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
			AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
			CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
			CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCACCCTCCCTAACTGTGACACCTGGA
			GAGCAGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
			CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
			CTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
			CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
			TGTGGAGGCTGACGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
			ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAATCCGGAGGT
			GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
			TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
			AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
			GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
			TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
			CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
			TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
			CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
			GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
			CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
			CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
			AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC

[1583]

				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGGCAGAAATATTTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1470.	MB62A4-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVMKPGASVKVSCRASGYTFTSYWLHWVRQAPGQGLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRVTMTVDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSS
1471.	MB62A4-HCDR1	인공	aa	SYWLH
1472.	MB62A4-HCDR2	인공	aa	MIDPSNSDTRFNPNFKD
1473.	MB62A4-HCDR3	인공	aa	YGSYVSPLDY
1474.	MB62A4-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAAGTGATGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAGGGCTTCGGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGGCGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGTCACAATGACTGTAGACACATCTTCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCA
1475.	MB62A4-L	인공	aa	DIVMTQTPFSLPVTAGETVSISCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYYAYPWTFGG
				GTKLEIK
1476.	MB62A4-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYTSSQKNYLA
1477.	MB62A4-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1478.	MB62A4-LCDR3	인공	aa	QQYYAYPWT
1479.	MB62A4-L	인공	nt	GACATCGTGATGACCCAGACTCCATTCTCCCTACCTGTGACAGCTGGAGA
				GACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAGCA
				GTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTCCT
				CAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAGAG
				TGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCTA
				TCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1480.	MB62A4-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVMKPGASVKVSCRASGYTFTSYWLHWVRQAPGQGLEWIGMI

[1584]

				DPSNSDTRFNPNFKDRVTMTVDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTAGETVSI
				SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG
				TDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIK
1481.	ME62A4-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGATGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAGGGCTTCGGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGGCGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGCATG
				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGTCACAATGACTGTAGACACATCTTCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCATTCTCCCTACCTGTGACAGCTGGA
				GAGACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAA
1482.	ME62A4 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVMKPGASVKVSCRASGYTFTSYWLHWVRQAPGQGLEWIGMI
				DPSNSDTRFNPNFKDRVTMTVDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCATYGSYV
				SPLDYWGQGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTAGETVSI
				SCKSSQSLLYTSSQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSGSG
				TDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYYAYPWTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVES
				GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
				ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT
				CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA
				ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1483.	ME62A4 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGGGCTGAAGTGATGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAAGTGTCCTGCAGGGCTTCGGGGCTATACCTTCACCAGCTACTGGT
				TGCACTGGGTTAGACAGGCGCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATAGGCATG

[1585]

[1586]

				ATTGATCCTTCCAATAGTGACACTAGGTTTAATCCGAACTTCAAGGACAG
				GGTCACAATGACTGTAGACACATCTTCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCCACATATGGT
				AGCTACGTTTCCCCTCTGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGACATCGTGATGACCCAGACTCCATTCTCCCTACCTGTCACAGCTGGA
				GAGACGGTTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGTCCCTTTTATATACTAG
				CAGTCAGAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAACCAGGTCAGTCTC
				CTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGAT
				CGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCAAAATCTCCAG
				AGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTATGCCT
				ATCCGTGGACGTTCGGTGGAGGCACAAAGTTGGAGATCAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACACTCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1484.	ME75H6-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGYANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDFWGQGTTVTVSS

1485.	ME75H6-HCDR1	뮤린	aa	KYWIG
1486.	ME75H6-HCDR2	뮤린	aa	DIHPGGGYANYNEKFKG
1487.	ME75H6-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSSYDYHGMDF
1488.	ME75H6-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTTAGGCCTGGGAC TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA GATATTCACCCTGGAGGTGGTTATGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCCGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG GGGTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTTCTGGGG CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
			aa	ELQMTQSPASLSASVGEPVTFTCRASENIYSYLAWYQQKQGKSPQLLIYGATN LADGMSSRFSGSGSGRQYSLKISSLHPDDVATYYCQNVLSTPYTFGGGTKLEI K
1489.	ME75H6-L	뮤린		
1490.	ME75H6-LCDR1	뮤린	aa	RASENIYSYLA
1491.	ME75H6-LCDR2	뮤린	aa	GATNLAD
1492.	ME75H6-LCDR3	뮤린	aa	QNVLSTPYT
1493.	ME75H6-L	뮤린	nt	GAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA ACCTGTCACCTTCACATGTCGAGCAAGTGAGAATATTTACAGTTATTTAG CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGATCTATGGT GCAACCAACTTGGCAGATGGCATGTCATCGAGGTTCAGTGGCAGTGGATC TGGTAGACAGTATTCTCTCAAGATCAGTAGCCTGCATCCTGACGATGTTG CAACGTATTACTGTCAAAATGTGTTAAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
			aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI HPGGGYANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
1494.	ME75H6-HL	뮤린		GSSYDYHGMDFWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGSELQMTQSPASLSAS VGEPVTFTCRASENIYSYLAWYQQKQGKSPQLLIYGATNLADGMSSRFSGSGS GRQYSLKISSLHPDDVATYYCQNVLSTPYTFGGGTKLEIK
1495.	ME75H6-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTTAGGCCTGGGAC TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA

[1587]

				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTATGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCCGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTTCTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCC
				TCCCTATCTGCATCTGTGGGAGAACCTGTCACCTTCACATGTCGAGCAAG
				TGAGAATATTTACAGTTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAA
				TCTCCTCAGCTCCTGATCTATGGTGCAACCAACTTGGCAGATGGCATGTC
				ATCGAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGTAGACAGTATTCTCTCAAGATCA
				GTAGCCTGCATCCTGACGATGTTGCAACTGTTACTGTCAAAATGTGTTA
				AGTACTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1496.	ME75H6 HL x I2C HL	퓨린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGYANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDFWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSAS
				VGEPVTFTCRASENIYSYLAWYQQKQGKSPQLLIYGATNLADGMSSRFSGSGS
				GRQYSLKISSLHPDDVATYYCQNVLSTPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVES
				GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
				ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT
				CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA
				ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1497.	ME75H6 HL x I2C HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTATGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCCGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTTCTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCC
				TCCCTATCTGCATCTGTGGGAGAACCTGTCACCTTCACATGTCGAGCAAG

[1588]

[1589]

TGAGAATATTTACAGTTATTTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAA				
TCTCCTCAGCTCCTGATCTATGGTGCAACCAACTTGGCAGATGGCATGTC				
ATCGAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGTAGACAGTATTCTCTCAAGATCA				
GTAGCCTGCATCCTGACGATGTTGCAACGTATTACTGTCAAAATGTGTTA				
AGTACTCCGTACACGTTCGGAGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGG				
AGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGC				
AGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTC				
AATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGA				
ATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTAT				
GCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAA				
CACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGT				
ACTACTGTGTGAGACATGGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGG				
GCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGG				
TTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTTGACTC				
AGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGT				
GGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCA				
ACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCC				
TCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCCTGCTTGGAGGCAAG				
GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA				
CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAAC				
TGACTGTCCTA				

[1590]

서열번호	명칭	공급원	유형	서열
1498.	ME99B1-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKATGYTFSNYWISWVKYRPGHGLEWIGDIY PGGSYTNYNEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSGLTFEDSAIYYCARSGYDYG SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSSG
1499.	ME99B1-HCDR1	뮤린	aa	NYWIS
1500.	ME99B1-HCDR2	뮤린	aa	DIYPGGSYTNYNEKFKG
1501.	ME99B1-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSDYDYHGMDY
1502.	ME99B1-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGAC TTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTACTGGGTACACCTTCAGTAATTACT GGATAAGTTGGGTAAAGTATAGGCCTGGACATGGTCTTGAGTGGATTGG AGATATTTACCCTGGAGGCAGTTATACTAATTACAATGAGAAATTCAAGG GCAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAG CTCAGCGGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTACTACTGTGCAAGATC GGGGTATGACTACGGTAGTGACTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGG GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1503.	ME99B1-L	뮤린	aa	ELQMTQSPASLSASVGETVTITCRASENIYSNLAWYQQKQGKSPQLLVYAAT NLADGVPSRFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFVDYYCLQYASYPYTFGGGTKLEI K
1504.	ME99B1-LCDR1	뮤린	aa	RASENIYSNLA
1505.	ME99B1-LCDR2	뮤린	aa	AATNLAD
1506.	ME99B1-LCDR3	뮤린	aa	LQYASYPYT
1507.	ME99B1-L	뮤린	nt	GAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGAGAATATTTACAGTAATTTAG CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGGTCTATGCT GCAACAAACTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTC TGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCAGCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTG TAGACTATTACTGTCTACAATATGCTAGTTATCCGTACACGTTCGGAGGG GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1508.	ME99B1-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKATGYTFSNYWISWVKYRPGHGLEWIGDIY PGGSYTNYNEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSGLTFEDSAIYYCARSGYDYG SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGSELQMTQSPASLSASV GETVTITCRASENIYSNLAWYQQKQGKSPQLLVYAATNLADGVPSRFSGSRSG

				SDYSLTISSLESEDFVDYYCLQYASYPYTFGGGTKLEIK
1509.	ME99B1-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTACTGGGTACACCTTCAGTAATTACT
				GGATAAGTTGGGTAAAGTATAGGCCTGGACATGGTCTTGAGTGGATTGG
				AGATATTTACCCTGGAGGCAGTTATACTAATTACAATGAGAAATTCAAGG
				GCAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAG
				CTCAGCGGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTACTACTGTGCAAGATC
				GGGGTATGACTACGGTAGTGACTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGC
				CTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAA
				GTGAGAATATTTACAGTAATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAA
				TCTCCTCAGCTCCTGGTCTATGCTGCAACAAACTTAGCAGATGGTGTGCC
				ATCAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCA
				GCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGTAGACTATTACTGTCTACAATATGCT
				AGTTATCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1510.	ME99B1 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKATGYTFSNYWISWVKYRPGHGLEWIGDIY
				PGGSYTNYNEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSGLTFEDSAIYYCARSGYDYG
				SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASV
				GETVTITCRASENIYSNLAWYQQKQGKSPQLLVYAATNLADGVPSRFSGSRSG
				SDYSLTISSLESEDFVDYYCLQYASYPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1511.	ME99B1 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTACTGGGTACACCTTCAGTAATTACT
				GGATAAGTTGGGTAAAGTATAGGCCTGGACATGGTCTTGAGTGGATTGG
				AGATATTTACCCTGGAGGCAGTTATACTAATTACAATGAGAAATTCAAGG
				GCAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAG
				CTCAGCGGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTACTACTGTGCAAGATC

[1591]

				GGGGTATGACTACGGTAGTGACTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGC
				CTCCCTATCTGCATCTGTGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAA
				GTGAGAATATTTACAGTAATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAA
				TCTCCTCAGCTCCTGGTCTATGCTGCAACAAACTTAGCAGATGGTGTGCC
				ATCAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCA
				GCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGTAGACTATTACTGTCTACAATATGCT
				AGTTATCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGG
				AGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGC
				AGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTC
				AATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGA
				ATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTAT
				GCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAA
				CACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGT
				ACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGG
				GCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGG
				TTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTC
				AGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGT
				GGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCA
				ACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCC
				TCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA
				CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAAC
1512.	ME05D7-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKVSCKASGYAFTHYLIEWVKQRPGQGLEWIGMIN
				PENTDTTYNEKFRDKAILTVDKSSNTAYMQLSSLTSDDSAVYFCARQEITSDF
				DFWGQGTTVTVSS
1513.	ME05D7-HCDR1	뮤린	aa	HYLIE
1514.	ME05D7-HCDR2	뮤린	aa	MINPENTDTTYNEKFRD
1515.	ME05D7-HCDR3	뮤린	aa	QEITSDFDF
1516.	ME05D7-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGAC

[1592]

				TTCAGTGAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCACTCATTACT
				TAATAGAGTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGCCTTGAGTGGATTGGA
				ATGATTAATCCTGAAAATACTGATACTACCTACAATGAGAAGTTCAGGGA
				CAAGGCAATACTGACTGTAGACAAATCCTCCAACACTGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACTTCTGATGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACAG
				GAGATTACGTCGGACTTTGACTTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCA
1517.	ME05D7-L	뮤린	aa	ELVLTQSPTTMAASPGEKITITCSASSSISSNYLHWYQQKPGFSPKLLIYRTSN
				LASGVPARFSGSGSGTSYSLTIGTMEAEDVATYYCQQGSSIPYTFGGGTKLEIK
1518.	ME05D7-LCDR1	뮤린	aa	SASSSISSNYLH
1519.	ME05D7-LCDR2	뮤린	aa	RTSNLAS
1520.	ME05D7-LCDR3	뮤린	aa	QQGSSIPYT
1521.	ME05D7-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCAACCACCATGGCTGCATCTCCCGGGGA
				GAAGATCACTATCACCTGCAGTGCCAGCTCAAGTATAAGTTCCAATTACT
				TGCATTGGTATCAGCAGAAGCCAGGATTCTCCCCTAAACTCTTGATTTAT
				AGGACATCCAATCTGGCTTCTGGAGTCCCAGCTCGCTTCAGTGGCAGTGG
				GTCTGGGACCTCTTACTCTCTCACAATTGGCACCATGGAGGCTGAAGATG
				TTGCCACTTACTACTGCCAGCAGGGTAGTAGTATACCGTACACGTTCGGA
				GGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1522.	ME05D7-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKVSCKASGYAFTHYLIEWVKQRPGQGLEWIGMIN
				PENTDTTYNEKFRDKAILTVDKSSNTAYMQLSSLTSDDSAVYFCARQETSDF
				DFWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVLTQSPTTMAASPGEKITITCS
				ASSSISSNYLHWYQQKPGFSPKLLIYRTSNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTIGT
				MEAEDVATYYCQQGSSIPYTFGGGTKLEIK
1523.	ME05D7-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCACTCATTACT
				TAATAGAGTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGCCTTGAGTGGATTGGA
				ATGATTAATCCTGAAAATACTGATACTACCTACAATGAGAAGTTCAGGGA
				CAAGGCAATACTGACTGTAGACAAATCCTCCAACACTGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACTTCTGATGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACAG
				GAGATTACGTCGGACTTTGACTTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT

[1593]

[1594]

				CTGAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCAACCACCATGGCTGCATCTCCCGGG
				GAGAAGATCACTATCACCTGCAGTGCCAGCTCAAGTATAAGTTCCAATTA
				CTTGCATTGGTATCAGCAGAAGCCAGGATTCTCCCCTAAACTCTTGATTT
				ATAGGACATCCAATCTGGCTTCTGGAGTCCCAGCTCGCTTCAGTGGCAGT
				GGGTCTGGGACCTCTTACTCTCTCACAATTGGCACCATGGAGGCTGAAGA
				TGTTGCCACTTACTACTGCCAGCAGGGTAGTAGTATACCGTACACGTTCG
				GAGGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1524.	ME05D7 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKVSCKASGYAFTHYLIEWVKQRPGQGLEWIGMIN
				PENTDTTYNEKFRDKAILTVDKSSNTAYMQLSSLTSDDSAVYFCARQEITSDF
				DFWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVLTQSPTTMAASPGEKITITCS
				ASSSISSNYLHWYQQKPGFSPKLLIYRTSNLASGVPARFSGSGSGTSYSLTIGT
				MEAEDVATYYCQQGSSIPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGS
				LKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKD
				RFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGT
				LVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVT
				SGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQP
				EDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1525.	ME05D7 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACGCCTTCACTCATTACT
				TAATAGAGTGGGTGAAGCAGAGGCCTGGACAGGGCCTTGAGTGGATTGGA
				ATGATTAATCCTGAAAATACTGATACTACCTACAATGAGAAGTTCAGGGA
				CAAGGCAATACTGACTGTAGACAAATCCTCCAACACTGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACTTCTGATGACTCTGCGGTCTATTTCTGTGCAAGACAG
				GAGATTACGTCGGACTTTGACTTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTT
				CTGAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCAACCACCATGGCTGCATCTCCCGGG
				GAGAAGATCACTATCACCTGCAGTGCCAGCTCAAGTATAAGTTCCAATTA
				CTTGCATTGGTATCAGCAGAAGCCAGGATTCTCCCCTAAACTCTTGATTT
				ATAGGACATCCAATCTGGCTTCTGGAGTCCCAGCTCGCTTCAGTGGCAGT
				GGGTCTGGGACCTCTTACTCTCTCACAATTGGCACCATGGAGGCTGAAGA
				TGTTGCCACTTACTACTGCCAGCAGGGTAGTAGTATACCGTACACGTTCG
				GAGGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTG

[1595]

				CAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAA
				ACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT
				GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGA
				AGTAAATATAATAATTATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAG
				GTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGA
				ACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGG
				AACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGAC
				TCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCG
				GTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTA
				TCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGT
				TACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCAC
				CCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTGGCCCCCGGTACTCCTGCC
				AGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGG
				GGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCA
1526.	ME05B7-H	뮤린	aa	ACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKTTGYTFGYYWISWLKQRPGHGLEWIGDIY
				PGGGYTNYHEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSSLTFEDSAIYYCARSGYDYG
				SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSS
1527.	ME05B7-HCDR1	뮤린	aa	YYWIS
1528.	ME05B7-HCDR2	뮤린	aa	DIYPGGGYTNYHEKFKG
1529.	ME05B7-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSDYDYHGMDY
1530.	ME05B7-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTTAGGCCTGGAC
				TTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACTACTGGGTACACCTTCGGTTATTACT
				GGATAAGTTGGTTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTGGTTACACTAACTACCATGAGAAATTCAAGGG
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGATATGACTACGGTAGTGACTACGATTATCATGGTATGGATTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1531.	ME05B7-L	뮤린	aa	ELVMTQTPSSLSASLGDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPDGSVKLLIYYTSRL
				HSGVPSRFSGSGSGTDYSLTISNLDQEDIATYFCQQGNTLPWTFGGGTKLEIK
1532.	ME05B7-LCDR1	뮤린	aa	RASQGISNYLN

1533.	ME05B7-LCDR2	휴린	aa	YTSRLHS
1534.	ME05B7-LCDR3	휴린	aa	QQGNTLP
1535.	ME05B7-L	휴린	nt	GAGCTCGTGATGACCCAGACTCCATCCTCCCTGTCTGCCTCTCTGGGAGA
				CAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAAGTCAGGGCATTAGCAATTATTTAA
				ACTGGTATCAGCAGAAACCAGATGGATCTGTTAAACTCCTGATCTACTAC
				ACATCAAGATTACACTCAGGAGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTC
				TGGAACAGATTATTCTCTCACCATTAGCAACCTGGATCAAGAAGATATTG
				CCACTTACTTTTGCCAACAGGGTAATACGCTTCCGTGGACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1536.	ME05B7-HL	휴린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKTTGYTFGYYWISWLKQRPGHGLEWIGDIY
				PGGGYTNYHEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSSLTFEDSAIYYCARSGYDYG
				SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQTPSSLSASL
				GDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPDGSVKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGSGT
				DYSLTISNLDQEDIATYFCQQGNTLPWTFGGGTKLEIK
1537.	ME05B7-HL	휴린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACTACTGGGTACACCTTCGGTTATTACT
				GGATAAGTTGGTTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTGGTTACACTAACTACCATGAGAAATTCAAGGG
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGATATGACTACGGTAGTGACTACGATTATCATGGTATGGATTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGACTCCATC
				CTCCCTGTCTGCCTCTCTGGGAGACAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAA
				GTCAGGGCATTAGCAATTATTTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGATGGA
				TCTGTTAAACTCCTGATCTACTACACATCAAGATTACACTCAGGAGTCCC
				ATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGAACAGATTATTCTCTCACCATTA
				GCAACCTGGATCAAGAAGATATTGCCACTTACTTTTGCCAACAGGGTAAT
				ACGCTTCCGTGGACGTTCGGAGGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1538.	ME05B7 HL x I2C HL	휴린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKTTGYTFGYYWISWLKQRPGHGLEWIGDIY
				PGGGYTNYHEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSSLTFEDSAIYYCARSGYDYG
				SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQTPSSLSASL

[1596]

			GDRVTISCRASQGISNYLNWYQQKPDGSVKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGSGT
			DYSLTISNLDQEDIATYFCQQGNTLPWTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGG
			GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
			YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
			AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
			SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
			TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1539.	ME05B7 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGACTACTGGGTACACCTTCGGTTATTACT
				GGATAAGTTGGTTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTGGTTACACTAACTACCATGAGAAATTCAAGGG
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGATATGACTACGGTAGTGACTACGATTATCATGGTATGGATTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACCCAGACTCCATC
				CTCCCTGTCTGCCTCTCTGGGAGACAGAGTCACCATCAGTTGCAGGGCAA
				GTCAGGGCATTAGCAATTATTTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGATGGA
				TCTGTTAAACTCCTGATCTACTACACATCAAGATTACACTCAGGAGTCCC
				ATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGAACAGATTATTCTCTCACCATTA
				GCAACCTGGATCAAGAAGATATTGCCACTTACTTTTGCCAACAGGGTAAT
				ACGCTTCCGTGGACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGG
				AGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGC
				AGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTC
				AATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGA
				ATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTTAT
				GCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAA
				CACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGT
				ACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGG
				GCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGG
				TTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTC
				AGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGT

[1597]

				GGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCA
				ACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCC
				TCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCCTGCTTGGAGGCAAG
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTA
				CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAAC
				TGACTGTCCTA
1540.	ME05F6-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSS
1541.	ME05F6-HCDR1	뮤린	aa	KYWIG
1542.	ME05F6-HCDR2	뮤린	aa	DIHPGGGFANYNEKFKG
1543.	ME05F6-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSSYDYHGMDY
1544.	ME05F6-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1545.	ME05F6-L	뮤린	aa	ELVMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQEISGYLSWLQQKPDGTIKRLIYAASTL
				DSGVPKRFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFADYYCLQYASYPPTFGGGTKLEIK
1546.	ME05F6-LCDR1	뮤린	aa	RASQEISGYLS
1547.	ME05F6-LCDR2	뮤린	aa	AASTLDS
1548.	ME05F6-LCDR3	뮤린	aa	LQYASYPPT
1549.	ME05F6-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGA
				AAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAAGTCAGGAAATTAGTGGTTACTTAA
				GCTGGCTTCAGCAGAAACCAGATGGAACTATTAAACGCCTGATCTACGCC
				GCATCCACTTTAGATTCTGGTGTCCCAAAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTC
				TGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCAGCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTG
				CAGACTATTACTGTCTACAATATGCTAGTTATCCTCCCACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA

[1598]

1550.	ME05F6-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSAS
				LGERVSLTCRASQEISGYLSWLQQKPDGTIKRLIYAASTLDSGVPKRFSGSRSG
				SDYSLTISSLESEDFADYYCLQYASYPPTFGGGTKLEIK
1551.	ME05F6-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCC
				TCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGAAAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAAG
				TCAGGAAATTAGTGGTTACTTAAGCTGGCTTCAGCAGAAACCAGATGGAA
				CTATTAAACGCCTGATCTACGCCGCATCCACTTTAGATTCTGGTGTCCCA
				AAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCAG
				CAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGCAGACTATTACTGTCTACAATATGCTA
				GTTATCCTCCCACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1552.	ME05F6 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSAS
				LGERVSLTCRASQEISGYLSWLQQKPDGTIKRLIYAASTLDSGVPKRFSGSRSG
				SDYSLTISSLESEDFADYYCLQYASYPPTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1553.	ME05F6 HL x I2C	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC

[1599]

[1600]

				HL
1554.	ME06C6-H	류린	aa	TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCC
				TCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGAAAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAAG
				TCAGGAAATTAGTGGTTACTTAAGCTGGCTTCAGCAGAAACCAGATGGAA
				CTATTAAACGCCTGATCTACGCCGCATCCACTTTAGATTCTGGTGTCCCA
				AAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCAG
				CAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGCAGACTATTACTGTCTCTACAATATGCTA
				GTTATCCTCCCACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGA
				GGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCA
				GCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCA
				ATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAA
				TGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG
				CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAC
				ACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTA
				CTACTGTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGG
				GCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGT
				TCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCA
				GGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTG
				GCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAA
				CAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCT
				CGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG
				CTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTAC
				TGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACT
				GACTGTCCTA
				EVQLLEQSGAELVRPGTSVKIPCKATGYTFSYYWIGWVKQRPGHGLEWIGDIY

[1601]

				PGGGYSNYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSGLTSEDSAIYYCARSGYDYG
1555.	ME06C6-HCDR1	뮤린	aa	SDYDYHGLDYWGQGTTVTVSS
1556.	ME06C6-HCDR2	뮤린	aa	YYWIG
1557.	ME06C6-HCDR3	뮤린	aa	DIYPGGGYSNYNEKFKG
1558.	ME06C6-H	뮤린	aa	SGYDYGSDYDYHGLDY
			nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAACTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATTCCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCAGTTATTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTGGTTATAGTAACTACAATGAGAAATTCAAGGG
				AAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCGGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGATATGACTACGGTAGTGACTACGATTACCATGGTCTGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1559.	ME06C6-L	뮤린	aa	ELVLTQSPASLAVSLGQRATISCRASESVEYYGTSLMQWYQQKPGQPPKLLIY
				AASNVESGVPARFSGSGSGTDFSLNIHPVEEDDIAMYFCQQSRKVPYTFGGGT
				KLEIK
1560.	ME06C6-LCDR1	뮤린	aa	RASESVEYYGTSLMQ
1561.	ME06C6-LCDR2	뮤린	aa	AASNVES
1562.	ME06C6-LCDR3	뮤린	aa	QQSRKVPYT
1563.	ME06C6-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCAGCTTCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCA
				GAGAGCCACCATCTCCTGCAGAGCCAGTGAAAGTGTTGAATATTATGGCA
				CAAGTTTAATGCAGTGGTACCAACAGAAACCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGCTGCATCCAACGTAGAATCTGGGGTCCCTGCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCAGCCTCAACATCCATCCTGTGGAGG
				AGGATGATATTGCAATGTATTTCTGTCAGCAAAGTAGGAAGGTTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1564.	ME06C6-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKIPCKATGYTFSYYWIGWVKQRPGHGLEWIGDIY
				PGGGYSNYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSGLTSEDSAIYYCARSGYDYG
				SDYDYHGLDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVLTQSPASLAVSL
				GQRATISCRASESVEYYGTSLMQWYQQKPGQPPKLLIYAASNVESGVPARFSG
				SGSGTDFSLNIHPVEEDDIAMYFCQQSRKVPYTFGGGTKLEIK
1565.	ME06C6-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAACTGGTAAGGCCTGGGAC

				TTCAGTGAAGATTCCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCAGTTATTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTGGTTATAGTAACTACAATGAGAAATTCAAGGG
				AAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCGGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGATATGACTACGGTAGTGACTACGATTACCATGGTCTGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCAGCT
				TCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCAGAGAGCCACCATCTCCTGCAGAGCCAG
				TGAAAGTGTTGAATATTATGGCACAAGTTTAATGCAGTGGTACCAACAGA
				AACCAGGACAGCCAACCCAAACTCCTCATCTATGCTGCATCCAACGTAGAA
				TCTGGGGTCCCTGCCAGGTTTAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCAG
				CCTCAACATCCATCCTGTGGAGGAGGATGATATTTGCAATGTATTTCTGTC
				AGCAAAGTAGGAAGGTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGACCAAGCTTGAG
				ATCAAA
1566.	ME06C6 HL x I2C HL	퓨린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKIPCKATGYTFSYYWIGWVKQRPGHGLEWIGDIY
				PGGGYSNYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSGLTSEDSAIYYCARSGYDYG
				SDYDYHGLDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVLTQSPASLAVSL
				GQRATISCRASESVEYYGTSLMQWYQQKPGQPPKLLIYAASNVESGVPARFSG
				SGSGTDFSLNIHPVEEDDIAMYFCQQSRKVPYTFGGGTKLEIKSGGGSEVQL
				VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
				GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1567.	ME06C6 HL x I2C HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAACTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATTCCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCAGTTATTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTGGTTATAGTAACTACAATGAGAAATTCAAGGG
				AAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCGGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGATATGACTACGGTAGTGACTACGATTACCATGGTCTGGACTACTGGGG

[1602]

[1603]

				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCAGCT
				TCTTTGGCTGTGTCTCTAGGGCAGAGCCACCATCTCCTGCAGAGGCCAG
				TGAAAGTGTTGAATATTATGGCACAAGTTTAATGCAGTGGTACCAACAGA
				AACCAGGACAGCCACCCAAACTCCTCATCTATGCTGCATCCAACGTAGAA
				TCTGGGGTCCCTGCCAGGTTTAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCAG
				CCTCAACATCCATCCTGTGGAGGAGGATGATATTGCAATGTATTTCTGTC
				AGCAAAGTAGGAAGGTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAG
				ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG
				AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
				GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA
				AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATG
				CAACATATTATATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
				GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
				GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC
				TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
				CACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACACATCTGGCAACTACCCA
				AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
				GACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAG
				GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG
				AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1568.	ME06C7-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSS
1569.	ME06C7-HCDR1	뮤린	aa	KYWIG
1570.	ME06C7-HCDR2	뮤린	aa	DIHPGGGFANYNEKFKG
1571.	ME06C7-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSSYDYHGMDY
1572.	ME06C7-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC

[1604]

				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1573.	ME06C7-L	뮤린	aa	ELQMTQSPTSLAVSLGQRATISCRASQTVYYDGNNYMNWYQHKPGQPPKLLI
				YATSNLESGIPARFSGSGSGTDFTLNIHPVEAEDAATYYCQQSYEDPYTFGGG
				TKLEIK
1574.	ME06C7-LCDR1	뮤린	aa	RASQTVYYDGNNYMN
1575.	ME06C7-LCDR2	뮤린	aa	ATSNLES
1576.	ME06C7-LCDR3	뮤린	aa	QQSYEDPYT
1577.	ME06C7-L	뮤린	nt	GAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAACTTCTTTGGCTGTGTCTCTCGGGCA
				GAGGGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAGCCAAACTGTTTACTATGATGGTA
				ATAATTATATGAACTGGTATCAACACAAACCAGGACAGCCACCCAAACTC
				CTCATCTATGCTACATCCAATCTAGAATCTGGGATCCCAGCCAGGTTTAG
				TGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACCCTCAACATCCATCCTGTGGAGG
				CGGAGGATGCTGCAACCTATTACTGTCAGCAAAGTTATGAGGATCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1578.	ME06C7-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPTSLAVS
				LGQRATISCRASQTVYYDGNNYMNWYQHKPGQPPKLLIYATSNLESGIPARFS
				GSGSGTDFTLNIHPVEAEDAATYYCQQSYEDPYTFGGGTKLEIK
1579.	ME06C7-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG

				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTGGTCTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAACT
				TCTTTGGCTGTGTCTCTCGGGCAGAGGGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAG
				CCAAACTGTTTACTATGATGGTAATAATTATATGAACTGGTATCAACACA
				AACCAGGACAGCCAACCCAAACTCCTCATCTATGCTACATCCAATCTAGAA
				TCTGGGATCCCAGCCAGGTTTAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCAC
				CCTCAACATCCATCCTGTGGAGGCGGAGGATGCTGCAACCTATTACTGTC
				AGCAAAGTTATGAGGATCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAG
				ATCAAA
1580.	ME06C7 HL x I2C HL	퓨린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPTSLAVS
				LGQRATISCRASQTVYYDGNNYMNWYQHKPGQPPKLLIYATSNLESGIPARFS
				GSGSGTDFTLNIHPVEAEDAATYYCQQSYEDPYTFGGGTKLEIKSGGGSEVQ
				LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
				GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1581.	ME06C7 HL x I2C HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAACT
				TCTTTGGCTGTGTCTCTCGGGCAGAGGCCACCATCTCCTGCAGGGCCAG
				CCAAACTGTTTACTATGATGGTAATAATTATATGAACTGGTATCAACACA
				AACCAGGACAGCCAACCCAAACTCCTCATCTATGCTACATCCAATCTAGAA
				TCTGGGATCCCAGCCAGGTTTAGTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCAC

[1605]

[1606]

				CCTCAACATCCATCCTGTGAGGCGGAGGATGCTGCAACCTATTACTGTC
				AGCAAAGTTATGAGGATCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAG
				ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG
				AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
				GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA
				AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATG
				CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
				GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
				GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC
				TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
				CACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCA
				AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
				GACTAAGTTCCTGGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAG
				GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG
1582.	ME06B7-H	뮤린	aa	AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKATGYTFTYWLGWVKQRPGHGLEWIGEI
				HPGGGYTNYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYYGMDYWGQGTTVTVSS
1583.	ME06B7-HCDR1	뮤린	aa	TYWLG
1584.	ME06B7-HCDR2	뮤린	aa	EIHPGGGYTNYNEKFKG
1585.	ME06B7-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSSYDYYGMDY
1586.	ME06B7-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAACTGGTAAGGCCTGGGAC
				CTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCACTACTTACT
				GGCTAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GAGATTCACCCTGGAGGTGGTTATACTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCCGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACTATGGTATGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA

1587.	ME06B7-L	뮤린	aa	ELVMTQSPSSLASLGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQEPDGTIKRLIYATSSL
				DSGVPKRFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFVDYYCLQYASSPYTFGGGTKLEIK
1588.	ME06B7-LCDR1	뮤린	aa	RASQDIGSSLN
1589.	ME06B7-LCDR2	뮤린	aa	ATSSLDS
1590.	ME06B7-LCDR3	뮤린	aa	LQYASSPYT
1591.	ME06B7-L	뮤린	nt	GAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCATCCTCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGA
				AAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAAGTCAGGACATTGGTAGTAGCTTAA
				ACTGGCTTCAGCAGGAACCAGATGGAACTATTAAACGCCTGATCTACGCC
				ACATCCAGTTTAGATTCTGGTGTCCCCAAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTC
				TGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCAGCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTG
				TAGACTATTACTGTCTACAATATGCTAGTTCTCCGTACACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1592.	ME06B7-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKATGYTFTTYWLGWVKQRPGHGLEWIGEI
				HPGGGYTNYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYYGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSAS
				LGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQEPDGTIKRLIYATSSLDSGVPKRFSGSRSG
				SDYSLTISSLESEDFVDYYCLQYASSPYTFGGGTKLEIK
1593.	ME06B7-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAACTGGTAAGGCCTGGGAC
				CTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCACTACTTACT
				GGCTAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GAGATTCACCCTGGAGGTGGTTATACTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCCGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACTATGGTATGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCATC
				CTCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGAAAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAA
				GTCAGGACATTGGTAGTAGCTTAAACTGGCTTCAGCAGGAACCAGATGGA
				ACTATTAAACGCCTGATCTACGCCACATCCAGTTTAGATTCTGGTGTCCC
				CAAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCA
				GCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGTAGACTATTACTGTCTACAATATGCT
				AGTTCTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA

[1607]

1594.	ME06B7 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELVRPGTSVKISCKATGYTFTTYWLGWVKQRPGHGLEWIGEI
				HPGGGYTNYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYYGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSAS
				LGERVSLTCRASQDIGSSLNWLQQEPDGTIKRLIYATSSLDSGVPKRFSGSRSG
				SDYSLTISSLESEDFVDYYCLQYASSPYTFGGGTKLEIKSGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1595.	ME06B7 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAACTGGTAAGGCCTGGGAC
				CTCAGTGAAGATTTCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCACTACTTACT
				GGCTAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GAGATTCACCCTGGAGGTGGTTATACTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCCGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACTATGGTATGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCATC
				CTCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGAAAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAA
				GTCAGGACATTGGTAGTAGCTTAAACTGGCTTCAGCAGGAACCAGATGGA
				ACTATTAAACGCCTGATCTACGCCACATCCAGTTTAGATTCTGGTGTCCC
				CAAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCA
				GCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTTGTAGACTATTACTGTCTACAATATGCT
				AGTTCTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGG
				AGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGC
				AGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTC
				AATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGA
				ATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTAT
				GCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAA
				CACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGT
				ACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGG

[1608]

				GCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGG
				TTCTGGCGGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTC
				AGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGT
				GGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCA
				ACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCC
				TCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAG
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA
				CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAAC
				TGACTGTCCTA
1596.	ME06D1-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSS
1597.	ME06D1-HCDR1	뮤린	aa	KYWIG
1598.	ME06D1-HCDR2	뮤린	aa	DIHPGGGFANYNEKFKG
1599.	ME06D1-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSSYDYHGMDY
1600.	ME06D1-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1601.	ME06D1-L	뮤린	aa	ELVMTQSPSSLTVTAGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLAWYQQKPGQPPK
				LLIYGASTRESGVPDRFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLADYFCQQHYSTPYTF
				GGGTKLEIK
1602.	ME06D1-LCDR1	뮤린	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLA
1603.	ME06D1-LCDR2	뮤린	aa	GASTRES
1604.	ME06D1-LCDR3	뮤린	aa	QQHYSTPYT
1605.	ME06D1-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCCTGACTGTGACAGCAGGAGA
				GAAGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA

[1609]

[1610]

				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				AAACTGTTGATCTACGGGGCATCCACTAGGGAATCTGGAGTCCCTGATCG
				CTTCACAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTTACCATCAGCAGTG
				TGCAGGCTGAAGACCTGGCAGATTACTTCTGTCAGCAACATTATAGCACT
				CCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1606.	MB06D1-HL	퓨린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLTVT
				AGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYGASTRESGVPD
				RFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLADYFCQQHYSTPYTFGGGTKLEIK
1607.	MB06D1-HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCC
				TCCCTGACTGTGACAGCAGGAGAAGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAG
				TCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACC
				AGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCTAAACTGTTGATCTACGGGGCATCCACT
				AGGGAATCTGGAGTCCCTGATCGCTTCACAGGCAGTGGATCTGGGACAGA
				TTTCACTCTTACCATCAGCAGTGTGCAGGCTGAAGACCTGGCAGATTACT
				TCTGTCAGCAACATTATAGCACTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAG
				CTTGAGATCAAA
1608.	MB06D1 HL x I2C HL	퓨린	aa	EVQLLEQSGAEVVRPGTSVKMSCKAAGYTFTKYWIGWVKQRPGHGLEWIGDI
				HPGGGFANYNEKFKGKATLTADTSSSTAYMQLSRLTSDDSAIYYCARSGYDY
				GSSYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLTVT
				AGEKVTMSCKSSQSLLNSGNQKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYGASTRESGVPD
				RFTGSGSGTDFTLTISSVQAEDLADYFCQQHYSTPYTFGGGTKLEIKSGGGGS
				EVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARI

			RSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHG
			NFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVS
			PGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFS
			GSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1609.	ME06D1 HL x I2C HL	유럽	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGGTGGTTAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCACTAAGTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTCACCCTGGAGGTGGTTTTGCTAACTACAATGAGAAGTTCAAGGG
				CAAGGCCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGACTGACATCTGATGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGTTATGACTACGGTAGTAGTTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCC
				TCCCTGACTGTGACAGCAGGAGAGAAGGTCACTATGAGCTGCAAGTCCAG
				TCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACC
				AGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCTAAACTGTTGATCTACGGGGCATCCACT
				AGGGAATCTGGAGTCCCTGATCGCTTCACAGGCAGTGGATCTGGGACAGA
				TTTCACTCTTACCATCAGCAGTGTGCAGGCTGAAGACCTGGCAGATTACT
				TCTGTCAGCAACATTATAGCACTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAG
				CTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTC
				TGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAG
				CCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCT
				CCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATA
				ATTATATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCC
				AGAGATGATTCAAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAAC
				TGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATA
				GCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTC
				TCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTC
				TCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAA
				CAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGTTACATCTGGCAAC
				TACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAAT
				AGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCT

[1611]

				CCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAG
				GATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTT
				CGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1610.	ME06D2-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGADLVRPGTSVKLSCKAAGYTFSRYWISWIRQRPGHGLEWIGEIYP
				GGGYGNYNENFKDKVTLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCARSGYDYGS
				KYDYYGLDYWGQGTTVTVSS
1611.	ME06D2-HCDR1	뮤린	aa	RYWIS
1612.	ME06D2-HCDR2	뮤린	aa	EIYPGGGYGNYNENFKD
1613.	ME06D2-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYGSKYDYYGLDY
1614.	ME06D2-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGACCTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCAGTAGGTATT
				GGATAAGTTGGATAAGGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GAAATTTACCCTGGAGGTGGTTATGGTAACTACAATGAGAAATTTCAAGGA
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTATATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTATTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGGCAGTAAGTACAGATTATTATGGTTTGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1615.	ME06D2-L	뮤린	aa	ELVMTQSPSSMYASLGERVTITCKASQDINSYLSWFQQKPGKSPKTLIYRANR
				LVDGVPSRFSGSGSGQDYSLTISSLEYEDMGIYYCLQYDAFPPTFGAGTKLEIK
1616.	ME06D2-LCDR1	뮤린	aa	KASQDINSYLS
1617.	ME06D2-LCDR2	뮤린	aa	RANRLVD
1618.	ME06D2-LCDR3	뮤린	aa	LQYDAFPPT
1619.	ME06D2-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCTTCCATGTATGCATCTCTAGGAGA
				GAGAGTCACTATCACTTGCAAGGCGAGTCAGGACATTAATAGCTATTTAA
				GCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAATCTCCTAAGACCCTGATCTATCGT
				GCAAACAGATTGGTAGATGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC
				TGGGCAAGATTATTCTCTCACCATCAGCAGCCTGGAGTATGAAGATATGG
				GAATTTATTATTGTCTACAGTATGATGCGTTTCCTCCCACGTTCGGTGCT
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1620.	ME06D2-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGADLVRPGTSVKLSCKAAGYTFSRYWISWIRQRPGHGLEWIGEIYP
				GGGYGNYNENFKDKVTLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCARSGYDYGS
				KYDYYGLDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSMYASLG

[1612]

[1613]

				ERVTITCKASQDINSYLSWFQQKPGKSPKTLIYRANRLVDGVPSRFSGSGSGQ
1621.	ME06D2-HL	뮤린	nt	DYSLTISSLEYEDMGIYYCLQYDAFPPTFGAGTKLEIK
				GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGACCTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCAGTAGGTATT
				GGATAAGTTGGATAAGGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GAAATTTACCCTGGAGGTGGTTATGGTAACTACAATGAGAATTTCAAGGA
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTATATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTATTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGGCAGTAAGTACGATTATATGGTTTGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATC
				TTCCATGTATGCATCTCTAGGAGAGAAGTCACTATCACTTGCAAGGCGA
				GTCAGGACATTAATAGCTATTTAAGCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAA
				TCTCCTAAGACCCTGATCTATCGTGCAAACAGATTGGTAGATGGGGTCCC
				ATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGCAAGATTATTCTCTCACCATCA
				GCAGCCTGGAGTATGAAGATATTGGGAATTTATTATTGTCTACAGTATTGA
				TGCGTTTCCTCCCACGTTCGGTGCTGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1622.	ME06D2 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGADLVRPGTSVKLSCKAAGYTFSRYWISWIRQRPGHGLEWIGEIYP
				GGGYGNYNENFKDKVTLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCARSGYDYGS
				KYDYYGLDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSMYASLG
				ERVTITCKASQDINSYLSWFQQKPGKSPKTLIYRANRLVDGVPSRFSGSGSGQ
				DYSLTISSLEYEDMGIYYCLQYDAFPPTFGAGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGG
				LVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATY
				YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWA
				YWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS
				STGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT
				LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1623.	ME06D2 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGACCTGGTAAGGCCTGGGAC
				TTCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCAGTAGGTATT
				GGATAAGTTGGATAAGGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GAAATTTACCCTGGAGGTGGTTATGGTAACTACAATGAGAATTTCAAGGA
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTATATGCAGC

				TCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTATTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGGCAGTAAGTACGATTATTATGGTTTGGACTACTGGG
				GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGC
				GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATC
				TTCCATGTATGCATCTCTAGGAGAGAAGTCACTATCACTTGCAAGGCGA
				GTCAGGACATTAATAGCTATTTAAGCTGGTTCCAGCAGAAACCAGGGAAA
				TCTCCTAAGACCCTGATCTATCGTGCAAACAGATTGGTAGATGGGGTCCC
				ATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGCAAGATTATTCTCTCACCATCA
				GCAGCCTGGAGTATGAAGATATTGGGAATTTATTATTGTCTACAGTATGA
				TGCGTTTCCTCCCACGTTCGGTGCTGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCG
				GAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGT
				GCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCT
				TCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTG
				GAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATT
				ATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAA
				AACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGT
				GTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACT
				GGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGT
				GGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGAC
				TCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTT
				GTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTC
				CAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTT
				CCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCA
				AGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATAT
				TACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAA
1624.	ME06E10-H	뮤린	aa	ACTGACTGTCCTA
				EVQLLEQSGADLVRPGTSVKLSCKAAGYTFSRYWISWIRQRPGHGLEWIGEIYP
				GGGYGNYNENFKDKVTLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCARSGYDYGS
				KYDYYGLDYWGQGTTVTVSS
1625.	ME06E10-HCDR1	뮤린	aa	RYWIS
1626.	ME06E10-	뮤린	aa	EIYPGGGYGNYNENFKD

[1614]

	HCDR2			
1627.	ME06E10-HCDR3	퓨린	aa	SGYDYGSKYDYYGLDY
1628.	ME06E10-H	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCCTGGTAAGGCCTGGGAC TTCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCAGTAGGTATT GGATAAGTTGGATAAGGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA GAAATTTACCCTGGAGGTGGTTATGGTAACTACAATGAGAATTTCAAGGA CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTATATGCAGC TCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTATTGTGCAAGATCG GGGTATGACTACGGCAGTAAGTACGATTATTATGGTTTGGACTACTGGG GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
1629.	ME06E10-L	퓨린	aa	ELVMTQSPSSLSASLGERVSLTCRASQEISGYLSWLQQKPDGTIKRLIYAASTL DSGVPKRFSGSRSGSDYSLTISSLESEDFADYYCLQYASSPYTFGGGTKLEIK
1630.	ME06E10-LCDR1	퓨린	aa	RASQEISGYLS
1631.	ME06E10-LCDR2	퓨린	aa	AASTLDS
1632.	ME06E10-LCDR3	퓨린	aa	LQYASSPYT
1633.	ME06E10-L	퓨린	nt	GAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCATCCTCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGA AAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAAGTCAGGAAATTAGTGGTTACTTAA GCTGGCTTCAGCAGAAACCAGATGGAACTATTAAACGCCTGATCTACGCC GCATCCACTTTAGATTCTGGTGTCCCAAAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTC TGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCAGCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTG CAGACTATTACTGTCTCTACAATATGCTAGTTCTCCGTACACGTTCGGAGG GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1634.	ME06E10-HL	퓨린	aa	EVQLLEQSGADLVRPGTSVKLSCKAAGYTFSRYWISWIRQRPGHGLEWIGEIYP GGGYGNYNENFKDKVTLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCARSGYDYGS KYDYYGLDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSASLG ERVSLTCRASQEISGYLSWLQQKPDGTIKRLIYAASTLDSGVPKRFSGSRSGSD YSLTISSLESEDFADYYCLQYASSPYTFGGGTKLEIK
1635.	ME06E10-HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGACCTGGTAAGGCCTGGGAC TTCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCAGTAGGTATT GGATAAGTTGGATAAGGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA GAAATTTACCCTGGAGGTGGTTATGGTAACTACAATGAGAATTTCAAGGA

[1615]

[1616]

			CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTATATGCAGC
			TCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTATTGTGCAAGATCG
			GGGTATGACTACGGCAGTAAGTACGATTATTATGGTTTGGACTACTGGG
			GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGC
			GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCATC
			CTCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGAAAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAA
			GTCAGGAAATTAGTGGTTACTTAAGCTGGCTTCAGCAGAAACCAGATGGA
			ACTATTAAACGCCTGATCTACGCCGCATCCACTTTAGATTCTGGTGTCCC
			AAAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCA
			GCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGCAGACTATTACTGTCTACAATATGCT
			AGTTCTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1636.	ME06E10 HL x I2C HL	뮤린	EVQLLEQSGADLVRPGTSVKLSCKAAGYTFSRYWISWIKQRPGHGLEWIGEIYP
			GGGYGNYNENFKDKVTLTADTSSSTAYMQLSSLTSEDSAIYYCARSGYDYGS
			KYDYYGLDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSASLG
			ERVSLTCRASQEISGYLSWLQQKPDGTIKRLIYAASTLDSGVPKRFSGSRSGSD
			YSLTISSLESEDFADYYCLQYASSPYTFGGGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGL
			VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY
			ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY
			WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
			TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL
			SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1637.	ME06E10 HL x I2C HL	뮤린	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGACCTGGTAAGGCCTGGGAC
			TTCAGTGAAGCTGTCCTGCAAGGCTGCTGGATACACCTTCAGTAGGTATT
			GGATAAGTTGGATAAGGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
			GAAATTTACCCTGGAGGTGGTTATGGTAACTACAATGAGAATTTCAAGGA
			CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCACAGCCTATATGCAGC
			TCAGCAGCCTGACATCTGAGGACTCTGCCATCTATTATTGTGCAAGATCG
			GGGTATGACTACGGCAGTAAGTACGATTATTATGGTTTGGACTACTGGG
			GCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGC
			GGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCATC
			CTCCTTATCTGCCTCTCTGGGAGAAAGAGTCAGTCTCACTTGTCGGGCAA
			GTCAGGAAATTAGTGGTTACTTAAGCTGGCTTCAGCAGAAACCAGATGGA

[1617]

				ACTATTAAACGCCTGATCTACGCCGCATCCACTTTAGATTCTGGTGTCCC
				AAAAAGGTTCAGTGGCAGTAGGTCTGGGTCAGATTATTCTCTCACCATCA
				GCAGCCTTGAGTCTGAAGATTTTGCAGACTATTACTGTCTACAATATGCT
				AGTTCTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCGG
				AGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGC
				AGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTC
				AATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGA
				ATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTAT
				GCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAA
				CACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGT
				ACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGG
				GCTTACTGGGGCCAAGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGG
				TTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTC
				AGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGT
				GCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTA
				CTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAAC
				TGACTGTCCTA
1638.	MB06F2-H	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELMKPGASVKISCKATGYTFSNYWIGWVKQRPGHGLEWIGDIY
				PGGSYTNYNEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSSLTFEDSAIYYCARSGYDYA
				SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSS
1639.	MB06F2-HCDR1	뮤린	aa	NYWIG
1640.	MB06F2-HCDR2	뮤린	aa	DIYPGGSYTNYNEKFKG
1641.	MB06F2-HCDR3	뮤린	aa	SGYDYASDYDYHGMDY
1642.	MB06F2-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGATGAAGCCTGGGGC
				CTCAGTGAAGATATCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCAGTAATTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTAGTTATACTAACTACAATGAGAAATTCAAGGG
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG

				GGGTATGACTACGCTAGTGACTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
1643.	ME06F2-L	뮤린	aa	CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA
				ELVLTQSPSSMSASLGDRITTTCQATQDIVKNLNWYQQKPGKPPSFLIYYATEL
				AEGVPSRFSGSGSDYSLTISNLESEDFADYYCLQFYEFPYTFGGGTKLEIK
1644.	ME06F2-LCDR1	뮤린	aa	QATQDIVKNLN
1645.	ME06F2-LCDR2	뮤린	aa	YATELAE
1646.	ME06F2-LCDR3	뮤린	aa	LQFYEFPYT
1647.	ME06F2-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCATCCTCTATGTCTGCATCTCTGGGAGA
				CAGAATAACCATCACTTGCCAGGCAACTCAAGACATTGTTAAGAATTTAA
				ACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAACCCCCTTCATTCCTGATCTATTAT
				GCAACTGAACTGGCAGAAGGGGTCCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTC
				TGGGTCAGACTATTCTCTGACAATCAGCAACCTGGAGTCTGAAGATTTTG
				CAGACTATTACTGTCTACAGTTTTATGAGTTTCCGTACACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1648.	ME06F2-HL	뮤린	aa	EVQLLEQSGAELMKPGASVKISCKATGYTFSNYWIGWVKQRPGHGLEWIGDIY
				PGGSYTNYNEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSSLTFEDSAIYYCARSGYDYA
				SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVLTQSPSSMSASL
				GDRITITCQATQDIVKNLNWYQQKPGKPPSFLIYYATELAEGVPSRFSGSGSGS
				DYSLTISNLESEDFADYYCLQFYEFPYTFGGGTKLEIK
1649.	ME06F2-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGATGAAGCCTGGGGC
				CTCAGTGAAGATATCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCAGTAATTACT
				GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA
				GATATTTACCCTGGAGGTAGTTATACTAACTACAATGAGAAATTCAAGGG
				CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGGACAGCCTACATGCAGC
				TCAGCAGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG
				GGGTATGACTACGCTAGTGACTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG
				CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG
				GCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCATCC
				TCTATGTCTGCATCTCTGGGAGACAGAATAACCATCACTTGCCAGGCAAC
				TCAAGACATTGTTAAGAATTTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAC
				CCCCTTCATTCCTGATCTATTATGCAACTGAACTGGCAGAAGGGGTCCCA
				TCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGTCAGACTATTCTCTGACAATCAG

[1618]

[1619]

				CAACCTGGAGTCTGAAGATTTTGCAGACTATTACTGTCTACAGTTTTATG
1650.	ME06F2 HL x I2C HL	퓨린	aa	AGTTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA EVQLLEQSGAELMKPGASVKISCKATGYTFSNYWIGWVKQRPGHGLEWIGDIY PGGSYTNYNEKFKGKVTLTADTSSRTAYMQLSSLTFEDSAIYYCARSGYDYA SDYDYHGMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVLTQSPSSMSASL GDRITITCQATQDIVKNLNWYQQKPGKPPSFLIYYATELAEGVPSRFSGSGSG DYSLTISNLESEDFADYYCLQFYEFPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGG LVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATY YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWA YWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS STGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1651.	ME06F2 HL x I2C HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGCAGTCTGGAGCTGAGCTGATGAAGCCTGGGGC CTCAGTGAAGATATCCTGCAAGGCTACTGGATACACCTTCAGTAATTACT GGATAGGTTGGGTAAAGCAGAGGCCTGGACATGGCCTTGAGTGGATTGGA GATATTTACCCTGGAGGTAGTTATACTAACTACAATGAGAAATTCAAGGG CAAGGTCACACTGACTGCAGACACATCCTCCAGCAGACAGCCTACATGCAGC TCAGCAGCCTGACATTTGAGGACTCTGCCATCTATTACTGTGCAAGATCG GGGTATGACTACGCTAGTGACTACGATTACCATGGTATGGACTACTGGGG CCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCG GCGGCTCCGGTGGTGGTTCTGAGCTCGTGCTCACCCAGTCTCCATCC TCTATGTCTGCATCTCCTGGGAGACAGAATAACCATCACTTGCCAGGCAAC TCAAGACATTGTTAAGAATTTAAACTGGTATCAGCAGAAACCAGGGAAAC CCCCTTCATTCCTGATCTATTATGCAACTGGCAGAAGGGTCCCA TCAAGGTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGTCAGACTATTCTCTGACAATCAG CAACCTGGAGTCTGAAGATTTTGCAGACTATTACTGTCTACAGTTTTATG AGTTTCCGTACACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGA GGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGGAGGAGGATTGGTGCA GCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCA ATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAA TGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATG CCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAAC

				ACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTA
				CTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGG
				CTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGT
				TCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCA
				GGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTTGTG
				GCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACCTACCCAAACTGGGTCCAA
				CAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCT
				CGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGG
				CTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTAC
				TGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACT
				GACTGTCCTA
1652.	EN00B12-H	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVKQAPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSS
1653.	EN00B12-HCDR1	인공	aa	DYVIH
1654.	EN00B12-HCDR2	인공	aa	YINPYDDDTTYNQKFKG
1655.	EN00B12-HCDR3	인공	aa	RGNSYDGYFDYSMDY
1656.	EN00B12-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAAGCAGGCACCTGGACAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTGTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCA
1657.	EN00B12-L	인공	aa	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASN
				RYTGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLE
				IK
1658.	EN00B12-LCDR1	인공	aa	RASQNVGTAVA
1659.	EN00B12-LCDR2	인공	aa	SASNRYT
1660.	EN00B12-LCDR3	인공	aa	QQYTNYPMYT

[1620]

1661.	EN00B12-L	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTGTCCGCATCAGTAGGAGA
				CAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTGGGTACTGCTGTAG
				CCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAGCCCCTAAATTACTGATTTACTCG
				GCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGCTTCTCAGGCAGTGGATC
				TGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCCTGAAGACTTCG
				CAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATCCCATGTATACGTTTGGA
				CAGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1662.	EN00B12-HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVKQAPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFLSASVGD
				RVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSGTE
				FTLTISSLQPEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIK
1663.	EN00B12-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAAGCAGGCACCTGGACAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTGTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGCCTGAAGACTTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1664.	EN00B12 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVKQAPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFLSASVGD
				RVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSGTE
				FTLTISSLQPEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGG

[1621]

			GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
			YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
			AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
			SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
			TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1665.	EN00B12 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAAGCAGGCACCTGGACAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCG
				GGTCACAATTACTGTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAGCTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGCCTGAAGACTTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGACCAAGCTGGAAATAAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC

[1622]

				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1666.	EN00C3-H	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKMSCKASGYTFTDYVIHWVRQGPGQRLEWMGYI
				NPYDDDTTYNQKFKGRVTMTLDKSASTAYMQLNSLRSEDTAVYYCARRGNS
				YDGYFDYSMDYWGQGTLVTVSS
1667.	EN00C3-HCDR1	인공	aa	DYVIH
1668.	EN00C3-HCDR2	인공	aa	YINPYDDDTTYNQKFKG
1669.	EN00C3-HCDR3	인공	aa	RGNSYDGYFDYSMDY
1670.	EN00C3-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGGGACCTGGACAGCGTCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATGACTCTAGACAAATCCGCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGTGCAAGAAGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCA
1671.	EN00C3-L	인공	aa	DIQLTQSPNFLSASVGDRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASN
				RYTGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLE
				IK
1672.	EN00C3-LCDR1	인공	aa	RASQNVGTAVA
1673.	EN00C3-LCDR2	인공	aa	SASNRYT
1674.	EN00C3-LCDR3	인공	aa	QQYTNYPMYT
1675.	EN00C3-L	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAACTTCCTGTCCGCATCAGTAGGAGA
				CAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTGGGTACTGCTGTAG
				CCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAGCCCCTAAATTACTGATTTACTCG
				GCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGCTTCTCAGGCAGTGGATC
				TGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCCTGAAGACTTCG
				CAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATCCCATGTATACGTTTGGA
				CAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1676.	EN00C3-HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKMSCKASGYTFTDYVIHWVRQGPGQRLEWMGYI

[1623]

				NPYDDDTTYNQKFKGRVTMTLDKSASTAYMQLNSLRSEDTAVYYCARRGNS
				YDGYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPNFLSASV
				GDRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGS
				GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIK
1677.	EN00C3-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGGGACCTGGACAGCGTCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATGACTCTAGACAAATCCGCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAACTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGCCTGAAGACTTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1678.	EN00C3 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKMSCKASGYTFTDYVIHWVRQGPGQRLEWMGYI
				NPYDDDTTYNQKFKGRVTMTLDKSASTAYMQLNSLRSEDTAVYYCARRGNS
				YDGYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPNFLSASV
				GDRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGS
				GTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI
				SYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL
				TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK
				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1679.	EN00C3 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGGGACCTGGACAGCGTCTTGAGTGGATGGGATAT

[1624]

				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATGACTCTAGACAAATCCGCCAGCACAGCCTACATGCAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAACTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGATTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGCCTGAAGACTTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGACCAAGCTGGAAATAAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1680.	EN01D5-H	인공	aa	QVQLVQSGPEVMKPGASVKMSCKASGYTFTDYVIHWVRQAPGKRLEWMGYI
				NPYDDDTTYNQKFKGRVTITVDKSASTAYMELNSLTSEDTAVYYCARRGNSY
1681.	EN01D5-HCDR1	인공	aa	DGYFDYSMDYWGQGTLVTVSS
				DYVIH

[1625]

1682.	EN01D5-HCDR2	인공	aa	YINPYDDDTTYNQKFKG
1683.	EN01D5-HCDR3	인공	aa	RGNSYDGYFDYSMDY
1684.	EN01D5-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGATGAAGCCTGGGGCTTC AGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA TACACTGGGTGAGGCAGGCACCTGGAAAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG GGTCACAATTACTGTAGACAAATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA ACAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAGGGG AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG AACCTTGGTCACCGTCTCCTCA
1685.	EN01D5-L	인공	aa	DIQLTQSPSFMSASVGDRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGQAPKLLIYSASN RYTGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLE IK
1686.	EN01D5-LCDR1	인공	aa	RASQNVGTAVA
1687.	EN01D5-LCDR2	인공	aa	SASNRYT
1688.	EN01D5-LCDR3	인공	aa	QQYTNYPMYT
1689.	EN01D5-L	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCATGTCCGCATCAGTAGGAGA CAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTGGGTACTGCTGTAG CCTGGTATCAACAGAAACCAGGACAAGCCCCTAAATTACTGATTTACTCG GCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGCTTCTCAGGCAGTGGATC TGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGTCTGAAGACTTCG CAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATCCCATGTATACGTTTGGA CAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1690.	EN01D5-HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVMKPGASVKMSCKASGYTFTDYVIHWVRQAPGKRLEWMGYI NPYDDDTTYNQKFKGRVTITVDKSASTAYMELNSLTSEDTAVYYCARRGNSY DGYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFMSASVG DRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGQAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSG TEFTLTISSLQSEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIK
1691.	EN01D5-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGATGAAGCCTGGGGCTTC AGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA TACACTGGGTGAGGCAGGCACCTGGAAAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG

[1626]

				GGTCACAATTACTGTAGACAAATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCATG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGACAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGTCTGAAGACTTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1692.	EN01D5 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVMKPGASVKMSCKASGYTFTDYVIHWVRQAPGKRLEWMGYI
				NPYDDDTTYNQKFKGRVTTTVDKSASTAYMELNSLTSEDTAVYYCARRGNSY
				DGYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFMSASVG
				DRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGQAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSG
				TEFTLTISSLQSEDFATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIK
				SGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGL
				EWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYY
				CVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEP
				SLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGT
				PARFSGSLLGGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1693.	EN01D5 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCAGGACCTGAGGTGATGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGATGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGGCACCTGGAAAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTGTAGACAAATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCATG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGACAAGCCCCTA

[1627]

				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGTCTGAAGACTTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAATCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1694.	EN00E4-H	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWMRQAPGQRLEWMGYI
				NPYDDDTTYNQKFKGRVTITLDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSY
				DGYFDYSMDYWGQGTLVTVSS
1695.	EN00E4-HCDR1	인공	aa	DYVIH
1696.	EN00E4-HCDR2	인공	aa	YINPYDDDTTYNQKFKG
1697.	EN00E4-HCDR3	인공	aa	RGNSYDGYFDYSMDY
1698.	EN00E4-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGATGAGGCAGCCTGGACAGCGCCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTCTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG

[1628]

				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
1699.	EN00E4-L	인공	aa	DIQLTQSPKFMSTSVGDKVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSAS
				NRYTGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFANYFCQQYTNYPMYTFGQGTKL
				EIK
1700.	EN00E4-LCDR1	인공	aa	RASQNVGTAVA
1701.	EN00E4-LCDR2	인공	aa	SASNRYT
1702.	EN00E4-LCDR3	인공	aa	QQYTNYPMYT
1703.	EN00E4-L	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAAATTCATGTCCACATCAGTAGGAGA
				CAAAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTGGGTACTGCTGTAG
				CCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAGCCCCTAAATTACTGATTTACTCG
				GCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGCTTCTCAGGCAGTGGATC
				TGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGCCTGAAGACTTCG
				CAAATTATTTCTGCCAGCAATATACCAACTATCCCATGTATACGTTTGGA
				CAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1704.	EN00E4-HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWMRQAPGQRLEWMGYI
				NPYDDDTTYNQKFKGRVTTTLDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSY
				DGYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPKFMSTSV
				GDKVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGS
				GTEFTLTISSLQPEDFANYFCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIK
1705.	EN00E4-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGATGAGGCAGGCACCTGGACAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTCTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAAATTCATG
				TCCACATCAGTAGGAGACAAAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC

[1629]

[1630]

				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGCCTGAAGACTTCGCAAATTATTTCTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1706.	EN00E4 HL x I2C HL	인풋	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWMRQAPGQRLEWMGYI NPYDDDTTYNQKFKGRVTITLDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSY DGYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPKFMSTSV GDKVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGS GTEFTLTISSLQPEDFANYFCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVE SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI SYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1707.	EN00E4 HL x I2C HL	인풋	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA TACACTGGATGAGGCAGGCACCTGGACAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG GGTCACAATTACTCTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAAATTCATG TCCACATCAGTAGGAGACAAAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT GCAGCCTGAAGACTTCGCAAATTATTTCTGCCAGCAATATACCAACTATC CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAATCCGGAGGT GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA

				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1708.	EN00F7-H	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVKQAPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGQVTITVDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSS
1709.	EN00F7-HCDR1	인공	aa	DYVIH
1710.	EN00F7-HCDR2	인공	aa	YINPYDDDTTYNQKFKG
1711.	EN00F7-HCDR3	인공	aa	RGNSYDGYFDYSMDY
1712.	EN00F7-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAAGCAGGCACCTGGACAGGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCA
				GGTCACAATTACTGTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCA
1713.	EN00F7-L	인공	aa	DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASN
				RYTGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSMQPEDLATYFCQQYTNYPMYTFGQGTKL
				EIK
1714.	EN00F7-LCDR1	인공	aa	RASQNVGTAVA
1715.	EN00F7-LCDR2	인공	aa	SASNRYT
1716.	EN00F7-LCDR3	인공	aa	QQYTNYPMYT

[1631]

1717.	EN00F7-L	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTGTCCGCATCAGTAGGAGA
				CAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTGGGTACTGCTGTAG
				CCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTAAATTACTGATTTACTCG
				GCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGCTTCTCAGGCAGTGGATC
				TGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTATGCAGCCTGAAGACCTCG
				CAACTTATTTCTGCCAGCAATATACCAACTATCCCATGTATACGTTTGGA
				CAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1718.	EN00F7-HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVKQAPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGQVTITVDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFLSASVGD
				RVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSGTE
				FTLTISSMQPEDLATYFCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIK
1719.	EN00F7-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAAGCAGGCACCTGGACAGCGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCA
				GGTCACAATTACTGTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTAT
				GCAGCCTGAAGACCTCGCAACTTATTTCTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1720.	En00F7 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGPEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVKQAPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGQVTITVDTSASTAYMELNSLRSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFLSASVGD
				RVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSGTE
				FTLTISSMQPEDLATYFCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGG

[1632]

[1633]

				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1721.	En00F7 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGACCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAAGCAGGCACCTGGACAGGGCCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCA
				GGTCACAATTACTGTAGACACATCCGCCAGCACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGAGATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTAT
				GCAGCCTGAAGACCTCGCAACTTATTTCTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACGGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC

				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1722.	EN00H6-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVRQTPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGRVTITGDTSANTAYMELNSLTSEDTAVYYCARRGNSYD
1723.	EN00H6-HCDR1	인공	aa	GYFDYSMDYWGQGTLVTVSS
1724.	EN00H6-HCDR2	인공	aa	DYVIH
1725.	EN00H6-HCDR3	인공	aa	YINPYDDDTTYNQKFKG
1726.	EN00H6-H	인공	nt	RGNSYDGYFDYSMDY
				CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGACACCTGGACAGGGTCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCG
				GGTCACAATTACTGGAGACACATCCGCCAACACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
1727.	EN00H6-L	인공	aa	AACCTTGGTCACCGTCTCCTCA
				DIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASN
				RYTGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQSEDLATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLE
				IK
1728.	EN00H6-LCDR1	인공	aa	RASQNVGTAVA
1729.	EN00H6-LCDR2	인공	aa	SASNRYT
1730.	EN00H6-LCDR3	인공	aa	QQYTNYPMYT
1731.	EN00H6-L	인공	nt	GACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTGTCCGCATCAGTAGGAGA
				CAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAATGTGGGTACTGCTGTAG
				CCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTAAATTACTGATTTACTCG
				GCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGCTTCTCAGGCAGTGGATC
				TGGGACAGATTCACTCTCACCATCAGCAGTCTGCAGTCTGAAGACCTCG
				CAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATCCCATGTATACGTTTGGA
				CAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1732.	EN00H6-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVRQTPGQRLEWMGYIN

[1634]

[1635]

				PYDDDTTYNQKFKGRVTITGDTSANTAYMELNSLTSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFLSASVGD
				RVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSGTE
				FTLTISSLQSEDLATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIK
1733.	EN00H6-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGACACCTGGACAGCGTCTTGAGTGGATGGGATAT
				ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTGGAGACACATCCGCCAACACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTTGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGTCTGAAGACCTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGGACCAAGCTGGAAATAAAA
1734.	EN00H6 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKLSCKASGYTFTDYVIHWVRQTPGQRLEWMGYIN
				PYDDDTTYNQKFKGRVTITGDTSANTAYMELNSLTSEDTAVYYCARRGNSYD
				GYFDYSMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQLTQSPSFLSASVGD
				RVTITCRASQNVGTAVAWYQQKPGKAPKLLIYSASNRYTGVPSRFSGSGSGTE
				FTLTISSLQSEDLATYYCQQYTNYPMYTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGG
				GLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYAT
				YYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYW
				AYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCG
				SSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAAL
				TLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1735.	EN00H6 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCAGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTGAAGTTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGACTATGTTA
				TACACTGGGTGAGGCAGACACCTGGACAGCGTCTTGAGTGGATGGGATAT

				ATTAATCCTTATGATGATACTACCTACAACCAGAAGTTCAAGGGCCG
				GGTCACAATTACTGGAGACACATCCGCCAACACAGCCTACATGGAACTCA
				ACAGCCTGACATCTGAGGACACTGCAGTCTATTACTGTGCAAGAAGGGGG
				AACTCCTATGATGGTTACTTCGACTATTCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCTTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCCAGCTGACCCAGTCTCCAAGCTTCCTG
				TCCGCATCAGTAGGAGACAGAGTCACCATCACCTGCAGGGCCAGTCAGAA
				TGTGGGTACTGCTGTAGCCTGGTATCAACAGAAACCAGGAAAAGCCCCTA
				AATTACTGATTTACTCGGCATCGAATCGGTACACTGGAGTCCCTAGTCGC
				TTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGAGTTCACTCTCACCATCAGCAGTCT
				GCAGTCTGAAGACCTCGCAACTTATTACTGCCAGCAATATACCAACTATC
				CCATGTATACGTTTGGACAGGGACCAAGCTGGAAATAAAATCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
1736.	HEP14G6-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWMGDI
				FPGSGNIIYNEKFKGRATITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD
1737.	HEP14G6-	인공	aa	EPMDYWGQGTTVTVSS
				NYWLG

[1636]

	HCDR1			
1738.	HEP14G6-HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1739.	HEP14G6-HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1740.	HEP14G6-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGCCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
1741.	HEP14G6-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
1742.	HEP14G6-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1743.	HEP14G6-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1744.	HEP14G6-LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1745.	HEP14G6-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1746.	HEP14G6-LH	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS NYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNHYNEKFKGRATITADKSTSTAYM ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSS
1747.	HEP14G6-LH	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACTGTGACACCAGGAGA

[1637]

[1638]

				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGCCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCC
1748.	hEp14G6 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLTVTPGEPVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQPPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVQAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNHIYNEKFKGRATITADKSTSTAYM
				ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1749.	hEp14G6 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGACCTGTGACACCAGGAGA
				GCCGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGCCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGCAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC

				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGCCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1750.	HEP14D2-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQAPGQGLEWMGDI
				FPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD
				EPMDYWGQGTTVTVSS
1751.	HEP14D2-HCDR1	인공	aa	NYWLG
1752.	HEP14D2-HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1753.	HEP14D2-HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY

[1639]

1754.	HEP14D2-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC TAGGTTGGGTAAGGCAGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG AACTGGGACGAGCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT CTCCTCC
1755.	HEP14D2-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIK
1756.	HEP14D2-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1757.	HEP14D2-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1758.	HEP14D2-LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1759.	HEP14D2-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA GCAGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1760.	HEP14D2-LH	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPQLL IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ GTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS NYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYM ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSS
1761.	HEP14D2-LH	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA GCAGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA

[1640]

				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCC
1762.	hEp14D2 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSISCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYQQKPGQSPQLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFGQ
				GTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFS
				NYWLGWVRQAPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITTADKSTSTAYM
				ELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1763.	hEp14D2 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GCAGGTCTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCAGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAAAATCAGCCGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGGCGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG

[1641]

[1642]

				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT
				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGACTAAGTTCCTCGCCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1764.	HEP18A6-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTFSNYWLGWVRQTPGQGLEWMGDI
				FPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARLRNWD
				EPMDYWGQGTTVTVSS
1765.	HEP18A6-HCDR1	인공	aa	NYWLG
1766.	HEP18A6-HCDR2	인공	aa	DIFPGSGNIHYNEKFKG
1767.	HEP18A6-HCDR3	인공	aa	LRNWDEPMDY
1768.	HEP18A6-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTC
				AGTGAAGGTATCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGC
				TAGGTTGGGTAAGGCAGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGAT
				ATTTTCCCTGGAAGTGGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAG
				AGTCACAATCACTGCAGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCA

[1643]

				GTAGCCTGACATCTGAGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGG
				AACTGGGACGAGCCCTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGT
				CTCCTCC
1769.	HEP18A6-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQL
				LIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLNISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFG
				QGTKLEIK
1770.	HEP18A6-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLNSGNQKNYLT
1771.	HEP18A6-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1772.	HEP18A6-LCDR3	인공	aa	QNDYSYPLT
1773.	HEP18A6-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GCAGGTCTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAACATCAGCAGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1774.	HEP18A6-LH	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQL
				LIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLNISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFG
				QGTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTF
				SNYWLGWVRQTPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITTADKSTSTAY
				MELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSS
1775.	HEP18A6-LH	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GCAGGTCTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAACATCAGCAGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				GTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT

[1644]

				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCC
1776.	hEp18A6 LH x I2C HL	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEQVSMSCKSSQSLLNSGNQKNYLTWYLQKPGQSPQL
				LIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLNISSVEAEDVGVYYCQNDYSYPLTFG
				QGTKLEIKGGGSGGGGSGGGGSQVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGYTF
				SNYWLGWVRQTPGQGLEWMGDIFPGSGNIHYNEKFKGRVTITADKSTSTAY
				MELSSLTSEDTAVYYCARLRNWDEPMDYWGQGTTVTVSSGGGGSEVQLVES
				GGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNY
				ATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYIS
				YWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLT
				CGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKA
				ALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1777.	hEp18A6 LH x I2C HL	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTGCCTGTGACACCAGGAGA
				GCAGGTCTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGTCTGTTAAACAGTGGAA
				ATCAAAAGAACTACTTGACCTGGTACCTGCAGAAACCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGTTGATCTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGAACAGATTTCACTCTCAACATCAGCAGTG
				TGGAGGCTGAAGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGAATGATTATAGTTA
				TCCGCTCACGTTCGGTCAAGGGACCAAGCTTGAGATCAAAGGTGGTGGTG
				GTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGGTGCAGCTGGTC
				CAGTCTGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCTGGGTCTTCAGTGAAGGTATCCTG
				CAAGGCTTCTGGATACACCTTCTCTAACTACTGGCTAGGTTGGGTAAGGC
				AGACGCCTGGACAGGGACTTGAGTGGATGGGAGATATTTTCCCTGGAAGT
				GGTAATATCCACTACAATGAGAAGTTCAAGGGCAGAGTCACAATCACTGC
				AGACAAATCTACGAGCACAGCCTATATGGAACTCAGTAGCCTGACATCTG
				AGGACACTGCTGTCTATTACTGTGCAAGACTGAGGAACTGGGACGAGCCT
				ATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCCGGAGGTGG
				TGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTG
				GAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAG
				TACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGT

				TGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATT
				CAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCC
				TATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTG
				TGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACT
				GGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGC
				GGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACC
				TTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCT
				CGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAA
				CCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCC
				CGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCC
				TCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTT
				CTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGT
				CCTA
1778.	FA22A9-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRVTITIDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYGY
				DEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1779.	FA22A9-HCDR1	인공	aa	EYTIH
1780.	FA22A9-HCDR2	인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1781.	FA22A9-HCDR3	인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY
1782.	FA22A9-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGTCACAATAACTATAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1783.	FA22A9-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLAVTVGETASMSCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQL
				LIYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFG
				GGTKVEIK
1784.	FA22A9-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA

[1645]

1785.	FA22A9-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1786.	FA22A9-LCDR3	인공	aa	QQYFSYPLT
1787.	FA22A9-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTAGCCTGTGACAGTTGGAGA GACGGCTTCTATGAGCTGCAAGTCCAGATCCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT CAACTGCTGATTTACTGGGCATCCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCACTCTCACGATCAGCAGAG TGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA TCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1788.	FA22A9-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI NPNNGIPNYNQKFKGRVTITIDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYGY DEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLAVTVGE TASMSCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSG SGSGTDFTLTISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIK
1789.	FA22A9-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG GGTCACAATAACTATAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGCGGCGGCGGCT CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA GCTGTGACAGTTGGAGAGACGGCTTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCCACTAGGGAA TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC TCTCACGATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGGAGTTTATTACTGTC AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG ATCAAA
1790.	FA22A9 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI NPNNGIPNYNQKFKGRVTITIDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYGY

[1646]

[1647]

			DEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLAVTVGE
			TASMSCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSG
			SGSGTDFTLTISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIKSGGGSEVQL
			VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
			NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
			SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
			VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
			GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1791.	FA22A9 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGTCACAATAACTATAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA
				GCTGTGACAGTTGGAGAGCCGGCTTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC
				TCTCACGATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG
				AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
				GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA
				AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATG
				CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
				GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
				GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC

				TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
				CACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCA
				AACTGGGTCCAACAAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
				GACTAAGTTCCTCGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAG
				GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCCTGGGTGTTCGGTGG
				AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1792.	FA22C11-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQSPGQRLEWMGGIN
				PNNGIPNYNQKFKGRVTITRDKSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYGY
				DEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1793.	FA22C11-HCDR1	인공	aa	EYTIH
1794.	FA22C11-HCDR2	인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1795.	FA22C11-HCDR3	인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY
1796.	FA22C11-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGTCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGTCACAATAACTAGAGACAAGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1797.	FA22C11-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTVGEPASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCQQYFSYPLTFGGG
				TKVEIK
1798.	FA22C11-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA
1799.	FA22C11-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1800.	FA22C11-LCDR3	인공	aa	QQYFSYPLT
1801.	FA22C11-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACAGTTGGAGA
				GCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATAGTCGTA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG

[1648]

				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCACCCTCAAGATCTCTCGTG
1802.	FA22C11-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQSPGQRLEWMGGIN
				PNNGIPNYNQKFKGRVTITRDKSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYGY
				DEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTVGE
				PASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGS
				GSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIK
1803.	FA22C11-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGTCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGTCACAATAACTAGAGACAAGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA
				CCTGTGACAGTTGGAGAGCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
				TCTGGGGTCCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCAC
				CCTCAAGATCTCTCGTGTGGAGGCGGAGGATGTTGGAATCTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAA
1804.	FA22C11 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQSPGQRLEWMGGIN
				PNNGIPNYNQKFKGRVTITRDKSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYGY
				DEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTVGE
				PASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGS
				GSGTDFTLKISRVEAEDVGIYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQLV
				ESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN
				NYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNS
				YISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTV

[1649]

[1650]

			TLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLG
1805.	FA22C11 HL x I2C HL	인공	nt	GKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTTC AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA TACACTGGGTGAGACAGTCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG GGTCACAATAACTAGAGACAAGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA CCTGTGACAGTTGGAGAGCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCAC CCTCAAGATCTCTCGTGTGGAGGCGGAGGATGTTGGAATCTATTACTGTC AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATG CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA CACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCA AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG GACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAG GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG

				AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1806.	FA22D8-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVEKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATITIDTSSSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARRRIAYGY
				DEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1807.	FA22D8-HCDR1	인공	aa	EYTIH
1808.	FA22D8-HCDR2	인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1809.	FA22D8-HCDR3	인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY
1810.	FA22D8-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGGAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACAATAACTATAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGACATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1811.	FA22D8-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTVGEQASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPKLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISSVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGG
				TKVEIK
1812.	FA22D8-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA
1813.	FA22D8-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1814.	FA22D8-LCDR3	인공	aa	QQYFSYPLT
1815.	FA22D8-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACAGTTGGAGA
				GCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATAGTCGTA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT
				AAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCACTCTCAAGATCAGCAGTG
				TGGAGGCTGAGGATGTTGGAGTCTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
				TCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1816.	FA22D8-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVEKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATITIDTSSSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARRRIAYGY
				DEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTVGE
				QASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSG

[1651]

				SGSGTDFTLKISSVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIK
1817.	FA22D8-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGGAGAAGCCTGGGGCTTC AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGAGGT ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG GGCCACAATAACTATAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA GCAGCCTGACATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA CCTGTGACAGTTGGAGAGCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA AGCCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC TCTCAAGATCAGCAGTGTGGAGGCTGAGGATGTTGGAGTCTATTACTGTC AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGACCAAGGTGGAG ATCAAA
1818.	FA22D8 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVEKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI NPNNGIPNYNQKFKGRATITIDTSSSTAYMELSSLTSEDTAVYYCARRRIAYGY DEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTVGE QASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFSG SGSGTDFTLKISSVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQL VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1819.	FA22D8 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGGAGAAGCCTGGGGCTTC AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGAGGT ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG GGCCACAATAACTATAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA

[1652]

[1653]

				GCAGCCTGACATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA
				CCTGTGACAGTTGGAGAGCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC
				TCTCAAGATCAGCAGTGTGGAGGCTGAGGATGTTGGAGTCTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGG
				AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
				GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA
				AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATG
				CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
				GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
				GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGAC
				TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
				CACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCA
				AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
				GACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAG
				GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG
				AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1820.	FA22E8-H	인공	aa	QVQLVQSGAELVKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGIN
				PNNGIPNYNQKFKGRATITIDTSASTAYMELRSLRSEDTAVYYCARRRIAYGYD
				EGHAMDYWGQGTLVTVSS
1821.	FA22E8-HCDR1	인공	aa	EYTIH
1822.	FA22E8-HCDR2	인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1823.	FA22E8-HCDR3	인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY

1824.	FA22E8-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACAATAACTATAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCC
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGGCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1825.	FA22E8-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLAVTPGEQASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGFGTDFTLKISGVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGG
				GTKVEIK
1826.	FA22E8-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA
1827.	FA22E8-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1828.	FA22E8-LCDR3	인공	aa	QQYFSYPLT
1829.	FA22E8-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTAGCTGTGACACCTGGAGA
				GCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATAGTCGTA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGCTGATTTACTGGGCATCCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATTTGGGACGGATTTCACTCTCAAGATCAGCGAG
				TGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
				TCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1830.	FA22E8-HL	인공	aa	QVQLVQSGAELVKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGIN
				PNNGIPNYNQKFKGRATITIDTSASTAYMELRSLRSEDTAVYYCARRRIAYGYD
				EGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLAVTPGEQ
				ASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSG
				FGTDFTLKISGVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIK
1831.	FA22E8-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACAATAACTATAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCC
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA

[1654]

				ATCGGCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA
				GCTGTGACACCTGGAGAGCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATTTGGGACGGATTTCAC
				TCTCAAGATCAGCGGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAA
1832.	FA22E8 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAELVKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGIN
				PNNGIPNYNQKFKGRATITIDTSASTAYMELRSLRSEDTAVYYCARRRIAYGYD
				EGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLAVTPGEQ
				ASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYLQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFSGSG
				FGTDFTLKISGVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQLVE
				SGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNN
				YATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYI
				SYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTL
				TCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGK
				AALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1833.	FA22E8 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGCTGGTGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACAATAACTATAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCC
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA
				GCTGTGACACCTGGAGAGCAGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCTGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA

[1655]

[1656]

				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATTTGGGACGGATTTCAC
				TCTCAAGATCAGCGGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG
				AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
				GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA
				AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGGCATAAGAAGTAAATATATAATAATTATG
				CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
				GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
				GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC
				TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
				CACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGAGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCA
				AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
				GACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAG
				GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG
				AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1834.	FA20H3-H	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKMSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATITRDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYG
				YDEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1835.	FA20H3-HCDR1	인공	aa	EYTIH
1836.	FA20H3-HCDR2	인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1837.	FA20H3-HCDR3	인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY
1838.	FA20H3-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGATGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACAATAACTAGAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA

				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
1839.	FA20H3-L	인공	aa	AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
				DIVMTQTPFSLPVTPGEPASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQSPQLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLNISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGG
				TKVEIK
1840.	FA20H3-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA
1841.	FA20H3-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1842.	FA20H3-LCDR3	인공	aa	QQYFSYPLT
1843.	FA20H3-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTACCTGTGACACCTGGAGA
				GCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATAGTCGTA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT
				CAACTGCTGATTTACTGGGCATCCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCACCCTCAATATCTCTCGTG
				TGGAGGCGGAGGATGTTGGAGTCTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
				TCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1844.	FA20H3-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKMSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATITRDTSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYG
				YDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTPG
				EPASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFS
				GSGSGTDFTLNISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIK
1845.	FA20H3-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGATGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACAATAACTAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAGA
				ATCGGCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTA
				CCTGTGACACCTGGAGAGCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCCACTAGGGAA

[1657]

[1658]

				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCAC
				CCTCAATATCTCTCGTGTGGAGGCGGAGGATGTTTGGAGTCTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAA
1846.	FA20H3 HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKMSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATITRDTSSSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARRRIAYG
				YDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTPG
				EPASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQSPQLLIYWASTRESGVPDRFS
				GSGSGTDFTLNISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ
				LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
				GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1847.	FA20H3 HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGATGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACAATAACTAGAGACACGTCCTCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATGGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTA
				CCTGTGACACCTGGAGAGCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTCAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACAGACTTCAC
				CCTCAATATCTCTCGTGTGGAGGCGGAGGATGTTGGAGTCTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG
				AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
				GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA

				AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATG
				CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
				GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
				GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC
				TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
				CACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCA
				AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
				GACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAG
				GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG
1848.	FA19D12-H	인공	aa	AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAHGQSLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMELRSLRSEDTAVYYCARRRIAYG
				YDEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1849.	FA19D12-HCDR1	인공	aa	EYTIH
1850.	FA19D12-HCDR2	인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1851.	FA19D12-HCDR3	인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY
1852.	FA19D12-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCATGGACAGAGGCCTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGTCACAATAACTGTAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCC
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCT
1853.	FA19D12-L	인공	aa	DIVMTQTPFSLPVTPGEPASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLI
				YWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGG
				TKVEIK
1854.	FA19D12-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA

[1659]

1855.	FA19D12-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1856.	FA19D12-LCDR3	인공	aa	QQYFSYPLT
1857.	FA19D12-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTACCTGTGACACCTGGAGA GCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGAGCCTTTTATATAGTCGTA ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT AAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCACTCTCAAAATCTCCAGAG TGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA TCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
1858.	FA19D12-HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAHGQSLEWMGGI NPNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMELRSLRSEDTAVYYCARRRIAYG YDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTPG EPASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFS GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIK
1859.	FA19D12-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA TACACTGGGTGAGACAGGCCATGGACAGAGCCTTGAGTGGATGGGAGGT ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG GGTCACAATAACTGTAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCC GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTA CCTGTGACACCTGGAGAGCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGA AGCCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC TCTCAAAATCTCCAGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTC AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG ATCAAA
1860.	FA19D12HL x 12C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTEYTIHWVRQAHGQSLEWMGGI NPNNGIPNYNQKFKGRVTITVDTSASTAYMELRSLRSEDTAVYYCARRRIAYG

[1660]

			YDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPFSLPVTPG
			EPASISCKSSQSLLYSRNQKNYLAWYQQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFS
			GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ
			LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
			NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
			SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
			VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
			GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1861.	FA19D12HL x I2C HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCATGGACAGAGGCCTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGTCACAATAACTGTAGACAGTCCGGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCC
				GCAGCCTGAGATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGGCCTATGGTTACGACGAGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCATTCTCCCTA
				CCTGTGACACCTGGAGAGCCGGCTTCTATCAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTACCAGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC
				TCTCAAAATCTCCAGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG
				AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
				GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA
				AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATG
				CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
				GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
				CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGAACTTCGGTAATAGCTACA
				TATCCTACTGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
				GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGAC

[1661]

				TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
				CACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCA
				AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
				GACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
				TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAG
				GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG
1862.	FA19D9-H	인풍	aa	AGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATLTIDTSASTAYMELSSLTSEDTAVYYCARRRIAYG
				YDEGHAMDYWGQGTLVTVSS
1863.	FA19D9-HCDR1	인공	aa	EYTIH
1864.	FA19D9-HCDR2	인공	aa	GINPNNGIPNYNQKFKG
1865.	FA19D9-HCDR3	인공	aa	RRIAYGYDEGHAMDY
1866.	FA19D9-H	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACATTAACTATAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGACATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCA
1867.	FA19D9-L	인공	aa	DIVMTQTPLSLPVTPGEPASMSCKSSQSLLYSRNQKNYLAWFLQKPGQSPKLL
				IYWASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGG
				GTKVEIK
1868.	FA19D9-LCDR1	인공	aa	KSSQSLLYSRNQKNYLA
1869.	FA19D9-LCDR2	인공	aa	WASTRES
1870.	FA19D9-LCDR3	인공	aa	QQYFSYPLT
1871.	FA19D9-L	인공	nt	GACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTACCTGTGACACCTGGAGA
				GCCGGCTTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAGCCTTTTATATAGTCGTA
				ATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTTCCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCT
				AAACTGCTGATTTACTGGGCATCCCACTAGGGAATCTGGGGTCCCTGATCG
				CTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCACTCTCAAGATCAGCAGAG

[1662]

				TGGAGGCTGAGGACGGTGGGAGTTTATTACTGTCAGCAATATTTTAGCTA
1872.	FA19D9-HL	인공	aa	TCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAGATCAAA
				QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATLTIDTSASTAYMELSSLTSEDTAVYYCARRRIAYG
				YDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTPG
				EPASMSCKSSQSLLYSRNQKNYLAWFLQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFS
				GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIK
1873.	FA19D9-HL	인공	nt	CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
				AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
				TACACTGGGTGAGACAGGCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
				ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
				GGCCACATTAACTATAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
				GCAGCCTGACATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
				ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
				AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
				CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA
				CCTGTGACACCTGGAGAGCCGGCTTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
				CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTTCCTGCAGA
				AGCCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
				TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC
				TCTCAAGATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTC
				AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG
				ATCAAA
1874.	FA19D9HL x I2C HL	인공	aa	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTIHWVRQAPGQRLEWMGGI
				NPNNGIPNYNQKFKGRATLTIDTSASTAYMELSSLTSEDTAVYYCARRRIAYG
				YDEGHAMDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIVMTQTPLSLPVTPG
				EPASMSCKSSQSLLYSRNQKNYLAWFLQKPGQSPKLLIYWASTRESGVPDRFS
				GSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCQQYFSYPLTFGGGTKVEIKSGGGGSEVQ
				LVESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL

[1663]

1875.	FA19D9HL x I2C HL	인공	nt
			GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
			CAGGTGCAGCTGGTCCAGTCTGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCTTC
			AGTAAAGGTGTCCTGCAAGACTTCTGGATACACATTCACTGAATACACCA
			TACACTGGGTGAGACAGGCCCCTGGACAGAGACTTGAGTGGATGGGAGGT
			ATTAATCCTAACAATGGTATTCCTAACTACAATCAGAAGTTCAAGGGCAG
			GGCCACATTAACTATAGACACGTCCGCCAGCACCGCCTACATGGAGCTCA
			GCAGCCTGACATCTGAGGATACTGCGGTCTATTACTGTGCAAGAAGAAGA
			ATCGCCTATGGTTACGACGAGGGCCATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGG
			AACCCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCT
			CCGGTGGTGGTGGTTCTGACATCGTGATGACACAGACTCCACTCTCCCTA
			CCTGTGACACCTGGAGAGCCGGCTTCTATGAGCTGCAAGTCCAGTCAGAG
			CCTTTTATATAGTCGTAATCAAAAGAACTACTTGGCCTGGTTCCTGCAGA
			AGCCAGGGCAGTCTCCTAAACTGCTGATTTACTGGGCATCCACTAGGGAA
			TCTGGGGTCCCTGATCGCTTCTCAGGCAGTGGATCTGGGACGGATTTCAC
			TCTCAAGATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGACGTGGGAGTTTATTACTGTC
			AGCAATATTTTAGCTATCCGCTCACGTTCGGTGGTGGGACCAAGGTGGAG
			ATCAAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGG
			AGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTG
			GATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGA
			AAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATG
			CAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGAT
			GATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGA
			CACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTGGTAATAGCTACA
			TATCCTACTGGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCA
			GGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGAC
			TGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCA
			CACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCA
			AACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGG
			GACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGC
			TTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAG
			GCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGG
			AGGAACCAAACTGACTGTCCTA

[1664]

1876.	FA87G9-H	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY YTMDYWGQGTTVTVSS
1877.	FA87G9-HCDR1	뮤린	aa	RYWMS
1878.	FA87G9-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTINYTPSLKD
1879.	FA87G9-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1880.	FA87G9-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATACTGGA TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC GGTCACCGTCTCCTCA
1881.	FA87G9-L	뮤린	aa	ELVMTQSPASLSASVGETVTITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK TLADGVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE IK
1882.	FA87G9-LCDR1	뮤린	aa	RASGNIHNYLA
1883.	FA87G9-LCDR2	뮤린	aa	NAKTLAD
1884.	FA87G9-LCDR3	뮤린	aa	QHFWSTPYT
1885.	FA87G9-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCACAATTATTTAG CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGGTCTATAAT GCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC AGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1886.	FA87G9-HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY YTMDYWGQGTTVTVSSGGGSGGGGSGGGGSGGGSELVMTQSPASLSASVGETVT ITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQYSL KINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK

[1665]

1887.	FA87G9-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1888.	FA87G9 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY
				YTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPASLSASVGETVT
				ITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQYSL
				KINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQ
				PGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD
				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
				AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
				VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1889.	FA87G9 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCCTGTACCTGCAAATGA
				GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC

[1666]

				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC
				CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT
				CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
				ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG
				TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1890.	FA86C12-H	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRSWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY
				YTMDYWGQGTTVTVSS
1891.	FA86C12-HCDR1	뮤린	aa	RSWMS
1892.	FA86C12-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTINYTPSLKD
1893.	FA86C12-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1894.	FA86C12-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATCCTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGGAAAGGGCTTGAATGGATTGGAGAA

[1667]

				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCA
1895.	FA86C12-L	듀린	aa	ELQMTQSPASLSASVGETVTITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK
				TLADGVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE
				IK
1896.	FA86C12-LCDR1	듀린	aa	RASGNIHNYLA
1897.	FA86C12-LCDR2	듀린	aa	NAKTLAD
1898.	FA86C12-LCDR3	듀린	aa	QHFWSTPYT
1899.	FA86C12-L	듀린	nt	GAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA
				AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCACAATTATTTGG
				CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTAGTCTATAAT
				GCAAAAACCTTAGCGGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC
				AGGAACACAAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
				GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1900.	FA86C12-HL	듀린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRSWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY
				YTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETVT
				ITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQYSL
				KINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK
1901.	FA86C12-HL	듀린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATCCTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTTGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA

[1668]

[1669]

				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTGGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TAGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCGGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1902.	FA86C12 HL x I2C HL	퓨린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRSWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY
				YTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETVT
				ITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQYSL
				KINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQ
				PGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD
				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
				AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
				VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1903.	FA86C12 HL x I2C HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATCCTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTTGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCCTGTACCTGCAAATGA
				GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTGGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TAGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCGGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC

				CGAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT
				CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
				ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGGCCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG
1904.	FA86D2-H	뮤린	aa	TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSEDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSS
1905.	FA86D2-HCDR1	뮤린	aa	TYWMS
1906.	FA86D2-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTINYTPSLKD
1907.	FA86D2-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1908.	FA86D2-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				ACAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCA
1909.	FA86D2-L	뮤린	aa	ELVMTQSPASLSASVGETVTITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK
				TLADGVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE
				IK

[1670]

1910.	FA86D2-LCDR1	퓨린	aa	RASGNIHNYLA
1911.	FA86D2-LCDR2	퓨린	aa	NAKTLAD
1912.	FA86D2-LCDR3	퓨린	aa	QHFWSTPYT
1913.	FA86D2-L	퓨린	nt	GAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTTCACAATTATTTAG CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGGTCTATAAT GCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC AGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1914.	FA86D2-HL	퓨린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSEDTALYYCAGGYYRYPY YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPASLSASVGETV TITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK
1915.	FA86D2-HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA ACAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG GTGGTGGTTCTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1916.	FA86D2 HL x I2C HL	퓨린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSEDTALYYCAGGYYRYPY

[1671]

			YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPASLSASVGETV
			TITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY
			SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGL
			VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY
			ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY
			WGQGTLVTVSSGGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
			TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL
			SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1917.	FA86D2 HL x I2C HL	뮤린	nt
			GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
			CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
			TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
			ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
			ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
			ACAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
			TATAGGTACCCATATTACTATATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
			GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
			GTGGTGGTTCTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
			TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
			CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
			TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
			GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
			TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
			ACGTTCGGAGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC
			CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT
			CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
			ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
			CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
			AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
			CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
			ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
			AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
			GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT

[1672]

				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG
1918.	FA86D6-H	뮤린	aa	TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMTKVRPEDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSS
1919.	FA86D6-HCDR1	뮤린	aa	TYWMS
1920.	FA86D6-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTINYTPSLKD
1921.	FA86D6-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1922.	FA86D6-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				CCAAAGTGAGACCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCA
1923.	FA86D6-L	뮤린	aa	ELVMTQSPASLSASVGETVTITCRASGSIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK
				TLADGVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE
				IK
1924.	FA86D6-LCDR1	뮤린	aa	RASGSIHNYLA
1925.	FA86D6-LCDR2	뮤린	aa	NAKTLAD
1926.	FA86D6-LCDR3	뮤린	aa	QHFWSTPYT
1927.	FA86D6-L	뮤린	nt	GAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA
				AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAGTATTTCACAATTATTTAG
				CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGGTCTATAAT
				GCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC
				AGGAACACAATATTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
				GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG

[1673]

				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1928.	FA86D6-HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMTKVRPEDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPASLSASVGETV
				TITCRASGSIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQYS
				LKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK
1929.	FA86D6-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				CCAAAGTGAGACCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCGTCATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAGTATTCA
				CAATTATTTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1930.	FA86D6 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMTKVRPEDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPASLSASVGETV
				TITCRASGSIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQYS
				LKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLV
				QPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA
				DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYW
				GQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSST
				GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLS
				GVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1931.	FA86D6 HL x	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC

[1674]

[1675]

			I2C HL
1932.	FA86E5-H	뮤린	
		aa	
EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRSWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN	TACAGCAACCGCTGGGTGTTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA	CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA	
PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY	TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG	TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA	
YTMDYWGQGTTVTVSS	TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC	ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA	
	CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTAC	ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA	
	CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG	CCAAAGTGAGACCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGTGAGGAGGATAC	
	GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAACCAGGT	TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC	
	GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT	CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC	
	AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC	TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT	
	ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGCTTACTGGGGCC	GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC	
	CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG	TGAAGATTTTGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC	
	AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA	ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC	
	CATAAGAAGTAAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA	CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT	
	ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG	CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC	
	AGTGACAGTTCAGTGAAGGGCCGATTCACCATCTCCAGAGACGATTCCAA	TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT	
	AACACTCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGT	GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC	
	GTATTACTGTGCGAGAGATCTTTACTATGATTTTTGGAGTGGTTATTCCT	TGAAGATTTTGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC	
	ACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACCGTCTCCTCA	ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC	
		CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT	
		CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC	
		ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG	
		CATAAGAAGTAAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA	
		AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA	
		CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG	
		ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGCTTACTGGGGCC	
		AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC	
		GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT	
		CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG	
		GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAACCAGGT	
		CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCGGTAC	
		TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC	
		TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG	
		YTMDYWGQGTTVTVSS	

1933.	FA86E5-HCDR1	뮤린	aa	RSWMS
1934.	FA86E5-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTINYTPSLKD
1935.	FA86E5-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1936.	FA86E5-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATCCTGGA TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTTGAATGGATTGGAGAA ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGAACCAC GGTCACCGTCTCCTCA
1937.	FA86E5-L	뮤린	aa	ELQMTQSPASLSASVGETVTITCRASENIYSYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK TLAEGVPSRFSGSGSRTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE IK
1938.	FA86E5-LCDR1	뮤린	aa	RASENIYSYLA
1939.	FA86E5-LCDR2	뮤린	aa	NAKTLAE
1940.	FA86E5-LCDR3	뮤린	aa	QHFWSTPYT
1941.	FA86E5-L	뮤린	nt	GAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGAGA AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGAGAATATTTACAGTTATTTAG CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGGTCTATAAT GCAAAAACCTTAGCAGAAGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC AAGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1942.	FA86E5-HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRSWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY YTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETVT ITCRASENIYSYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSRTQYSL KINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK
1943.	FA86E5-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATCCTGGA TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTTGAATGGATTGGAGAA

[1676]

[1677]

				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGAGAATATTTA
				CAGTTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAAATCTCCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGAAGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAAGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1944.	FA86E5 HL x I2C HL	퓨린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSRSWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMSKVRSEDTALYYCAGGYYRYPYY
				YTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETVT
				ITCRASENIYSYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLAEGVPSRFSGSGSGRTQYSL
				KINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQ
				PGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD
				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
				AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
				VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1945.	FA86E5 HL x I2C HL	퓨린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTAGATCCTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTTGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				GCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGAGAATATTTA

[1678]

				CAGTTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGAAGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGATCAAGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC
				CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT
				CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
				ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACAATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG
				TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1946.	FA86F10-H	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSDDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSS
1947.	FA86F10-HCDR1	뮤린	aa	TYWMS
1948.	FA86F10-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTINYTPSLKD
1949.	FA86F10-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1950.	FA86F10-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				ACAAAGTGAGATCTGACGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC

				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
1951.	FA86F10-L	뮤린	aa	GGTCACCGTCTCCTCA
				ELVMTQSPSSLSASVGETVTITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK
				TLADGVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE
				IK
1952.	FA86F10-LCDR1	뮤린	aa	RASGNIHNYLA
1953.	FA86F10-LCDR2	뮤린	aa	NAKTLAD
1954.	FA86F10-LCDR3	뮤린	aa	QHFWSTPYT
1955.	FA86F10-L	뮤린	nt	GAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCTTATCTGCATCTGTGGGAGA
				AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCACAATTATTTAG
				CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGGTCTATAAT
				GCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC
				AGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
				GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1956.	FA86F10-HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSDDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSASVGETV
				TITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY
				SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK
1957.	FA86F10-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGGCTGTACCTGCAAATGA
				ACAAAGTGAGATCTGACGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCTTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT

[1679]

[1680]

				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1958.	FA86F10 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSDDTALYYCAGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELVMTQSPSSLSASVGETV
				TITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY
				SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGL
				VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY
				ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY
				WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
				TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL
				SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1959.	FA86F10 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				ACAAAGTGAGATCTGACGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCGTGATGACACAGTCTCCATCCTCCTTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC
				CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT
				CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
				ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA

				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG
1960.	FA86F12-H		aa	TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLLESGGGLVQPGGSLNLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSDDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSS
1961.	FA86F12-HCDR1	뮤린	aa	TYWMS
1962.	FA86F12-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTINYTPSLKD
1963.	FA86F12-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1964.	FA86F12-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAICTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				ACAAAGTGAGATCTGACGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
1965.	FA86F12-L	뮤린	aa	GGTCACCGTCTCCTCA
				ELQMTQSPASLSASVGETVTITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK
				TLADGVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE
				IK
1966.	FA86F12-LCDR1	뮤린	aa	RASGNIHNYLA
1967.	FA86F12-LCDR2	뮤린	aa	NAKTLAD
1968.	FA86F12-LCDR3	뮤린	aa	QHFWSTPYT
1969.	FA86F12-L	뮤린	nt	GAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA

[1681]

				AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCACAATTATTTAG
				CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCCTCAGCTCCTGGTCTATAAT
				GCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC
				AGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
				GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1970.	FA86F12-HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLNLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSDDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETV
				TITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY
				SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK
1971.	FA86F12-HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAATCTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCCTGTACCTGCAAATGA
				ACAAAGTGAGATCTGACGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1972.	FA86F12 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLNLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTINYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMNKVRSDDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETV
				TITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY
				SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGL
				VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY

[1682]

[1683]

				ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY
				WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
				TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL
				SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
1973.	FA86F12 HL x I2C HL	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAATCTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGATAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				ACAAAGTGAGATCTGACGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC
				CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT
				CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
				ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
				CATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGGCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
				GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
				CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
				GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
				CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC
				TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC

				TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG
1974.	FA86F2-H	뮤린	aa	TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTVNYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMTKVRSEDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSS
1975.	FA86F2-HCDR1	뮤린	aa	TYWMS
1976.	FA86F2-HCDR2	뮤린	aa	EINPDSSTVNYTPSLKD
1977.	FA86F2-HCDR3	뮤린	aa	GYYRYPYYYTMDY
1978.	FA86F2-H	뮤린	nt	GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGGTAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				CCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCA
1979.	FA86F2-L	뮤린	aa	ELQMTQSPASLSASVGETVTITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAK
				TLADGVPSRFSGSGSGTQYSLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLE
				IK
1980.	FA86F2-LCDR1	뮤린	aa	RASGNIHNYLA
1981.	FA86F2-LCDR2	뮤린	aa	NAKTLAD
1982.	FA86F2-LCDR3	뮤린	aa	QHFWSTPYT
1983.	FA86F2-L	뮤린	nt	GAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCATCTGTGGGAGA
				AACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTTCACAATTATTTAG
				CATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCCTGGTCTATAAT
				GCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGTGGCAGTGGATC
				AGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTG
				GGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTACACGTTCGGAGGG
				GGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1984.	FA86F2-HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN
				PDSSTVNYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMTKVRSEDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETV

[1684]

[1685]

				TTTCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY
1985.	FA86F2-HL	뮤린	nt	SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIK GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGGTAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA
				CCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGCAGGAGGATAC
				TATAGGTACCCATATTACTATACTATGGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
				TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
				CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
				TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
				GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
				TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTTGGAGTACTCCGTAC
				ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAA
1986.	FA86F2 HL x I2C HL	뮤린	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFDFSTYWMSWVRQAPGKGLEWIGEIN PDSSTVNYTPSLKDKFIISRDNAKNTLYLQMTKVRSEDTALYYCAGGYYRYPY
				YYTMDYWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSELQMTQSPASLSASVGETV
				TITCRASGNIHNYLAWYQQKQGKSPQLLVYNAKTLADGVPSRFSGSGSGTQY
				SLKINSLQPEDFGSYYCQHFWSTPYTFGGGTKLEIKSGGGSEVQLVESGGGL
				VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY
				ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY
				WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
				TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL
1987.	FA86F2 HL x I2C HL	뮤린	nt	SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL GAGGTGCAGCTGCTCGAGTCTGGAGGTGGCCTGGTGCAGCCTGGAGGATC
				CCTGAAACTCTCCTGTGCAGCCTCAGGATTCGATTTTAGTACATACTGGA
				TGAGTTGGGTCCGGCAGGCTCCAGGGAAAGGGCTAGAATGGATTGGAGAA
				ATTAATCCAGATAGCAGTACGGTAAACTATACGCCATCTCTAAAGGATAA
				ATTCATCATCTCCAGAGACAACGCCAAAAATACGCTGTACCTGCAAATGA

			CCAAAGTGAGATCTGAGGACACAGCCCTTTATTACTGTGTGCAGGAGGATAC
			TATAGGTACCCATATTACTATACTATGACTACTGGGGCCAAGGGACCAC
			GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
			GTGGTGGTTCTGAGCTCCAGATGACCCAGTCTCCAGCCTCCCTATCTGCA
			TCTGTGGGAGAAACTGTCACCATCACATGTCGAGCAAGTGGGAATATTCA
			CAATTATTTAGCATGGTATCAGCAGAAACAGGGAAAATCTCCTCAGCTCC
			TGGTCTATAATGCAAAAACCTTAGCAGATGGTGTGCCATCAAGGTTCAGT
			GGCAGTGGATCAGGAACACAATATTCTCTCAAGATCAACAGCCTGCAGCC
			TGAAGATTTTGGGAGTTATTACTGTCAACATTTTTGGAGTACTCCGTAC
			ACGTTCGGAGGGGGGACCAAGCTTGAGATCAAATCCGGAGGTGGTGGATC
			CGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGT
			CATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCC
			ATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCG
			CATAAGAAGTAAATATAAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
			AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
			CAAATGAACAACTTGAAAACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
			ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCC
			AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC
			GGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT
			CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTG
			GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT
			CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC
			TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC
			TCTCAGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGG
			TACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
1988.	인간 IGF-R1 구축물	인공	nt
			ATGAAGTCTGGCTCCGGCGGAGGGTCCCCGACCTCGCTGTGGGGCTCCT
			GTTTCTCTCCGCCGCGCTCTCGCTCTGGCCGACGAGTGGAGAAATCTGCG
			GGCCAGGCATCGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAG
			AACTGCACGGTGATCGAGGGCTACCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGC
			CGAGGACTACCGCAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACGGTCATTACCGAGT
			ACTTGCTGCTGTTCCGAGTGGCTGGCCTCGAGAGCCTCGGAGACCTCTTC
			CCCAACCTCACGGTCATCCGCGGCTGGAAACTCTTCTACAACTACGCCCT

[1686]

[1687]

				GGTCATCTTCGAGATGACCAATCTCAAGGATATTGGGCTTTACAACCTGA
				GGAACATTACTCGGGGGGCCATCAGGATTGAGAAAAATGCTGACCTCTGT
				TACCTCTCCACTGTGGACTGGTCCCTGATCCTGGATGCGGTGTCCAATAA
				CTACATTGTGGGGAATAAGCCCCCAAAGGAATGTGGGACCTGTGTCCAG
				GGACCATGGAGGAGAAGCCGATGTGTGAGAAGACCACCATCAACAATGAG
				TACAACTACCGCTGCTGGACCACAAACCGCTGCCAGAAAATGTGCCCAAG
				CACGTGTGGGAAGCGGGGCGTGCACCGAGAACAATGAGTGCTGCCACCCG
				AGTGCCTGGGCAGCTGCAGCGCGCCTGACAACGACACGGCCTGTGTAGCT
				TGCCGCCACTACTACTATGCCGGTGTCTGTGTGCCTGCCTGCCCGCCCAA
				CACCTACAGGTTTGAGGGCTGGCGCTGTGTGGACCGTGACTTCTGCGCCA
				ACATCCTCAGCGCCGAGAGCAGCGACTCCGAGGGGTTTGTGATCCACGAC
				GGCGAGTGCATGCAGGAGTGCCCCTCGGGCTTCATCCGCAACGGCAGCCA
				GAGCATGTACTGCATCCCTTGTGAAGGTCCTTGCCCGAAGGTCTGTGAGG
				AAGAAAAGAAAACAAAGACCATTGATTCTGTTACTTCTGCTCAGATGCTC
				CAAGGATGCACCATCTTCAAGGGCAATTTGCTCATTAACATCCGACGGGG
				GAATAACATTGCTTCAGAGCTGGAGAACTTCATGGGGCTCATCGAGGTGG
				TGACGGGCTACGTGAAGATCCGCCATTCTCATGCCTTGGTCTCCTTGTCC
				TTCCTAAAAAACCTTCGCCTCATCCTAGGAGAGGAGCAGCTAGAAGGGAA
				TTACTCCTTCTACGTCCTCGACAACCAGAACTTGCAGCAACTGTGGACT
				GGGACCACCGCAACCTGACCATCAAAGCAGGGAAAATGTACTTTGCTTTC
				AATCCCAAATTATGTGTTTCCGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACGGG
				GACTAAAGGGCGCCAAAGCAAAGGGACATAAACACCAGGAACAACGGGG
				AGAGAGCCTCCTGTGAAAGTGACGTCCTGCATTTCACCTCCACCACCACG
				TCGAAGAATCGCATCATCATAACCTGGCACCGGTACCGGCCCCCCTGACTA
				CAGGGATCTCATCAGCTTCACCGTTTACTACAAGGAAGCACCCTTTAAGA
				ATGTCACAGAGTATGATGGGCAGGATGCCTGCGGCTCCAACAGCTGGAAC
				ATGGTGGACGTGGACCTCCCGCCCAACAAGGACGTGGAGCCCGGCATCTT
				ACTACATGGGCTGAAGCCCTGGACTCAGTACGCCGTTTACGTCAAGGCTG
				TGACCCTCACCATGGTGGAGAACGACCATATCCGTGGGGCCAAGAGTGAG
				ATCTTGTACATTCGCACCAATGCTTCAGTTCCTTCCATTCCCTTGGACGT
				TCTTTCAGCATCGAACTCCTCTTCTCAGTTAATCGTGAAGTGGAACCCTC
				CCTCTCTGCCCAACGGCAACCTGAGTTACTACATTGTGCGCTGGCAGCGG

[1688]

			CAGCCTCAGGACGGCTACCTTTACCGGCACAATTACTGCTCCAAAGACAA
			AATCCCCATCAGGAAGTATGCCGACGGCACCATCGACATTGAGGAGGTCA
			CAGAGAACCCCAAGACTGAGGTGTGTGGTGGGGAGAAAGGGCCTTGCTGC
			GCCTGCCCCAAAACTGAAGCCGAGAAGCAGGCCGAGAAGGAGGAGGCTGA
			ATACCGCAAAGTCTTTGAGAATTTCCTGCACAACTCCATCTTCGTGCCCA
			GACCTGAAAGGAAGCGGAGAGATGTCATGCAAGTGGCCAACACCACCATG
			TCCAGCCGAAGCAGGAACACCACGGCCGCAGACACCTACAACATCACCGA
			CCCGGAAGAGCTGGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATA
			ACAAGGAGAGAACTGTCATTTCTAACCTTCGGCCTTTCACATTGTACCGC
			ATCGATATCCACAGCTGCAACCACGAGGCTGAGAAGCTGGGCTGCAGCGC
			CTCCAACTTCGTCTTTGCAAGGACTATGCCCGCAGAAGGAGCAGATGACA
			TTCCTGGGCCAGTGACCTGGGAGCCAAGGCCTGAAAACTCCATCTTTTTA
			AAGTGGCCGGAACCTGAGAATCCCAATGGATTGATTCTAATGTATGAAAT
			AAAATACGGATCACAAGTTGAGGATCAGCGAGAATGTGTGTCCAGACAGG
			AATACAGGAAGTATGGAGGGGCCAAGCTAAACCGGCTAAACCCGGGGAAC
			TACACAGCCCGGATTCAGGCCACATCTCTCTCTGGGAATGGGTCGTGGAC
			AGATCCTGTGTTCTCTATGTCCAGGCCAAAACAGGATATGAAAACTTCA
			TCCATCTGATCATCGCTCTGCCCGTCGCTGTCCTGTTGATCGTGGGAGGG
			TTGGTGATTATGCTGTACGTCTTCCATAGAAAGAGAAATAACAGCAGGCT
			GGGGAATGGAGTGCTGTATGCCTCTGTGAACCCGGAGTACTTCAGCGCTG
			CTGATGTGTACGTTCCTGATGAGTGGGAGGTGGCTCGGGAGAAGATCACC
			ATGAGCCGGGAACTTGGGCAGGGTCGTTTGGGATGGTCTATGAAGGAG
			TTGCCAAGGGTGTGGTGAAAGATGAACCTGAAACCAGAGTGGCCATTAAA
			ACAGTGAACGAGGCCGCAAGCATGCGTGAGAGGATTGAGTTTCTCAACGA
			AGCTTCTGTGATGAAGGAGTTCAATTGTCACCATGTGGTGCGATTGCTGG
			GTGTGGTGTCCCAAGGCCAGCCAACACTGGTCATCATGGAACTGATGACA
			CGGGGCGATCTCAAAAGTTATCTCCGGTCTCTGAGGCCAGAAATGGAGAA
			TAATCCAGTCCTAGCACCTCCAAGCCTGAGCAAGATGATTCAGATGGCCG
			GAGAGATTGCAGACGGCATGGCATACCTCAACGCCAATAAGTTCGTCCAC
			AGAGACCTTGCTGCCCGGAAATTGCATGGTAGCCGAAGATTTCACAGTCAA
			AATCGGAGATTTTGGTATTGACGCGAGATATCTATGAGACAGACTATTACC
			GGAAAGGAGGGAAAGGGCTGCTGCCCGTGCGCTGGATGTCTCCTGAGTCC

			CTCAAGGATGGAGTCTTCACCACTTACTCGGACGTCTGGTCCTTCGGGGT
			CGTCCTCTGGGAGATCGCCACACTGGCCGAGCAGCCCTACCAGGGCTTGT
			CCAACGAGCAAGTCCTTCGCTTCGTCATGGAGGGCGGCCTTCTGGACAAG
			CCAGACAACTGTCCTGACATGCTGTTTTGAACTGATGCGCATGTGCTGGCA
			GTATAACCCCAAGATGAGGCCTTCCTTCCTGGAGATCATCAGCAGCATCA
			AAGAGGAGATGGAGCCTGGCTTCCGGGAGGTCTCCTTCTACTACAGCGAG
			GAGAACAAGCTGCCCGAGCCGGAGGAGCTGGACCTGGAGCCAGAGAACAT
			GGAGAGCGTCCCCCTGGACCCCTCGTCCTCCCTGCCACTGC
			CCGACAGACACTCAGGACACAAGGCCGAGAACGGCCCCGGCCCTGGGGTG
			CTGGTCCTCCGCGCCAGCTTCGACGAGAGACAGCCTTACGCCCACATGAA
			CGGGAGCCGCAAGAACGAGCGGGCCTTGCCGCTGCCCCAGTCTTCGACCT
			GCTGA
1989.	인간 IGF-R1 구축물	인공	aa	MKSGSGGGSPTSLWGLLFLSAALSLWPTSGEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCT
				VIEGYLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRG
				WKLFYNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTVDWSLILD
				AVSNNYIVGNKPPKECGDLCPGTMEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQK
				MCPSTCGKRACTENNECCHPECLGSCSAPDNDTACVACRHYYYAGVCVPAC
				PPNTYRFEGWRCVDRDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQS
				MYCIPCEGPCPKVCEEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTIFKGNLLINIRRGNNIAS
				ELENFMGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQ
				NLQQLWDWDHRNLTIKAGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDIN
				TRNNGERASCESDVLHFTSTTTSKNRIIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPF
				KNVTEYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKDVEPGILLHGLKPWTQYAVYVKA
				VTLTMVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPN
				GNLSYYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVC
				GGEKGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQ
				VANTTMSSRSRNTTAADTYNITDPEELETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFT
				LYRIDIHSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLK
				WPEPENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTA
				RIQATSLSGNGSWTDPVFFYVQAKTGYENFIHLIIALPVAVLLIVGGLVIMLYVF
				HRKRNNSRLGNGVLYASVNPEYFSAADVYVPDEWEVAREKITMSRELGQGSF
				GMVYEGVAKGVVKDEPETRVAIKTVNEAASMRERIEFLNEASVMKEFNCHH

[1689]

				VVRLLGVVSQGQPTLVIMELMTRGDLKSYLRSLRPEMENNPVLAPPSLSKMIQ
				MAGEIADGMAYLNANKFVHRDLAARNCMVAEDFTVKIGDFGMTRDIYETDYY
				RKGGKGLLPVRWMSPESLKDGVFTTYSDVWSFGVVLWEIATLAEQPYQGLSN
				EQVLRFVMEGGLLDKPDNCPDMLFELMRMCWQYNPKMRPSFLEIISSIKEEME
				PGFREVSFYYSEENKLPEPEELDLEPENMESVPLDPSASSSSLPLPDRHSGHKA
1990.	h IGF-R1 과 m IgG1 Fc 의 융합 단백질	인공	nt	ENGPGPGVLVLRASFDERQPYAHMNGGRKNERALPLPQSSTC
				ATGAAGTCTGGCTCCGGCGGAGGGTCCCCGACCTCGCTGTGGGGCTCCT
				GTTTCTCTCCGCCGCGCTCTCGCTCTGGCCGACGAGTGGAGAAAATCTGCG
				GGCCAGGCATCGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAG
				AACTGCACGGTGATCGAGGGCTACCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGC
				CGAGGACTACCGCAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACGGTCATTACCGAGT
				ACTTGCTGCTGTTCCGAGTGGCTGGCCTCGAGAGCCTCGGAGACCTCTTC
				CCCAACCTCACGGTCATCCGCGGCTGGAAACTCTTCTACAACTACGCCCT
				GGTCATCTTCGAGATGACCAATCTCAAGGATATTGGGCTTTACAACCTGA
				GGAACATTACTCGGGGGGGCCATCAGGATTGAGAAAAATGCTGACCTCTGT
				TACCTCTCCACTGTGGACTGGTCCCTGATCCTGGATGCGGTGTCCAATAA
				CTACATTGTGGGGAATAAGCCCCCAAAGGAATGTGGGGACCTGTGTCCAG
				GGACCATGGAGGAGAAGCCGATGTGTGAGAAGACCACCATCAACAATGAG
				TACAACTACCGCTGCTGGACCACACAAACCGCTGCCAGAAAATGTGCCCAAG
				CACGTGTGGGAAGCGGGCGTGCACCGAGAACAATGAGTGCTGCCACCCCG
				AGTGCCTGGGCAGCTGCAGCGCGCCTGACAACGACACGGCCTGTGTAGCT
				TGCCGCCACTACTACTATGCCGGTGTCTGTGTGCCTGCCTGCCCGCCCAA
				CACCTACAGGTTTGAGGGCTGTGTGGACCGTGACTTCTGCGCCA
				ACATCCTCAGCGCCGAGAGCAGCGACTCCGAGGGTTTGTGATCCACGAC
				GGCGAGTGCATGCAGGAGTGCCCCTCGGGCTTCATCCGCAACGGCAGCCA
				GAGCATGTACTGCATCCCTTGTGAAGGTCCTTGCCCGAAGGTCTGTGAGG
				AAGAAAAGAAAACAAAGACCATTGATTCTGTTACTTCTGCTCAGATGCTC
				CAAGGATGCACCATCTTCAAGGGCAATTTGCTCATTAACATCCGACGGGG
				GAATAACATTGCTTCAGAGCTGGAGAACTTCATGGGGCTCATCGAGGTGG
				TGACGGGCTACGTGAAGATCCGCCATTCTCATGCCTTGGTCTCCTTGTCC
				TTCCTAAAAAACCTTCGCCTCATCCTAGGAGAGGAGCAGCTAGAAGGGAA
				TTACTCCTTCTACGTCCTCGACAACCAGAAACTTGCAGCAACTGTGGACT

[1690]

[1691]

			GGGACCACCGCAACCTGACCATCAAAGCAGGGAAAATGTACTTTGCTTTC
			AATCCCAAATTATGTGTTTCCGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACGGG
			GACTAAAGGGCGCCAAAGCAAAGGGACATAAACACCAGGAACAAACGGGG
			AGAGAGCCTCCTGTGAAAGTGAGGTCCTGCATTTCACCTCCACCACCACG
			TCGAAGAATCGCATCATCATAACCTGGCACCGGTACCGGCCCCCTGACTA
			CAGGGATCTCATCAGCTTCACCGTTTACTACAAGGAAGCACCCTTTAAGA
			ATGTCACAGAGTATGATGGGCAGGATGCCTGCGGCTCCAACAGCTGGAAC
			ATGGTGGACGTGGACCTCCCGCCCAACAAGGACGTGGAGCCCGGCATCTT
			ACTACATGGGCTGAAGCCCTGGACTCAGTACGCCGTTTACGTCAAGGCTG
			TGACCCTCACCATGGTGGAGAACGACCATATCCGTGGGGCCAAGAGTGAG
			ATCTTGTACATTCGCACCAATGCTTCAGTTCCTTCCATTCCCTTGGACGT
			TCTTTCAGCATCGAACTCCTCTTCTCAGTTAATCGTGAAGTGGAACCCTC
			CCTCTCTGCCCAACGGCAACCTGAGTTACTACATTGTGCGCTGGCAGCGG
			CAGCCTCAGGACGGCTACCTTTACCGGCACAATTACTGCTCCAAAGACAA
			AATCCCCATCAGGAAGTATGCCGACGGCACCATCGACATTGAGAGGTCA
			CAGAGAACCCCAAGACTGAGGTGTGTGGTGGGGAGAAAGGCCTTGCTGC
			GCCTGCCCCAAAACTGAAGCCGAGAAGCAGGCCGAGAAGGAGGAGGCTGA
			ATACCGCAAAGTCTTTGAGAATTTCCTGCACAACTCCATCTTCGTGCCCA
			GACCTGAAAGGAAGCGGAGAGATGTCATGCAAGTGGCCAACACCACCATG
			TCCAGCCGAAGCAGGAACACCACGGCCGCAGACACCTACAACATCACCGA
			CCCGGAAGAGCTGGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATA
			ACAAGGAGAGAACTGTCATTTCTAACCTTCGGCCTTTCACATTGTACCGC
			ATCGATATCCACAGCTGCAACCACGAGGCTGAGAAGCTGGGCTGCAGCGC
			CTCCAACTTCGTCTTTGCAAGGACTATGCCCGCAGAAGGAGCAGATGACA
			TTCCTGGGCCAGTGACCTGGGAGCCAAGGCCTGAAAACTCCATCTTTTTA
			AAGTGGCCGGAACCTGAGAATCCCAATGGATTGATTCTAATGTATGAAAT
			AAAATACGGATCACAAGTTGAGGATCAGCGAGAATGTGTGTCCAGACAGG
			AATACAGGAAGTATGGAGGGGCCAAGCTAAACCGGCTAAACCCGGGGAAC
			TACACAGCCCGGATTCAGGCCACATCTCTCTGGGAATGGGTCGTGGAC
			AGATCCTGTGTTCTTCTATGTCCAGGCCAAAACAGGATATGAAAACTTCA
			TCCATTCCGGAGGTGGTGGATCCGTGCCCAGGGATTGTGGTTGTAAGCCT
			TGCATATGTACAGTCCCAGAAGTATCATCTGTCTTCATCTTCCCCCAAA

				GCCCAAGGATGTGCTCACCATTACTCTGACTCCTAAGGTCACGTGTGTTG
				TGGTAGACATCAGCAAGGATGATCCCGAGGTCCAGTTCAGCTGGTTTGTA
				GATGATGTGGAGGTGCACACAGCTCAGACGAAACCCCGGGAGGAGCAGAT
				CAACAGCACTTTCCGTTCAGTCAGTGAACTTCCCATCATGCACCAGGACT
				GGCTCAATGGCAAGGAGTTCAAATGCAGGGTCAACAGTGCAGCTTTCCCT
				GCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAACCAAAGGCAGACCGAAGGCTCC
				ACAGGTGTACACCATTCCACCTCCCAAGGAGCAGATGGCCAAGGATAAAG
				TCAGTCTGACCTGCATGATAACAAACTTCTTCCCTGAAGACATTACTGTG
				GAGTGGCAGTGGAATGGGCAGCCAGCGGAGAACTACAAGAACACTCAGCC
				CATCATGGACACAGATGGCTCTTACTTCGTCTACAGCAAGCTCAATGTGC
				AGAAGAGCAACTGGGAGGCAGGAAATACTTTCACCTGCTCTGTGTTACAT
				GAGGGCCTGCACAACCACCATACTGAGAAGAGCCTCTCCCACTCTCCTGG
				TAAATCCGGGCATCATCACCATCATCATTGA
1991.	h IGF-R1 과 m IgG1 Fc 의 가용성 융합 단백질	인공	aa	MKSGSGGGSPTSLWGLLFLSAALSLWPTSGEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCT
				VIEGYLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRG
				WKLFYNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTVDWSLLD
				AVSNNYIVGNKPPKECGDLCPGTMEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQK
				MCPSTCGKRACTENNECCHPECLGSCSAPDNDTACVACRHYYYAGVCVPAC
				PPNTYRFEGWRCVDRDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQS
				MYCIPCEGPCPKVCEEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTIFKGNLLINIRRGNNIAS
				ELENFMGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQ
				NLQQLWDWDHRNLTIKAGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDIN
				TRNNGERASCESDVLHFTSTTTSKNRIIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPF
				KNVTEYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKDVEPGILLHGLKPWTQYAVYVKA
				VTLTMVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPN
				GNLSYYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVC
				GGEKGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQ
				VANTTMSSRSRNTTAADTYNITDPEELETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFT
				LYRIDIHSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLK
				WPEPENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTA
				RIQATSLSGNGSWTDPVFFYVQAKTGYENFIHSGGGGSVPRDCGCKPCICTVP
				EVSSVFIFPPKPKDVLTITLTPKVTCVVVDISKDDPEVQFSWFVDDVEVHTAQ

[1692]

[1693]

				TKPREEQINSTFRSVSELPIMHQDWLNGKEFKCRVNSAAFPAPIEKTISKTKGR
				PKAPQVYTIPPPKEQMAKDKVSLTCMITNFFPEDITVEWQWNGQPAENYKNT
				QPIMDTDGSYFVYSKLNVQKSNWEAGNTFTCSVLHEGLHNHHTEKSLSHSPG
				KSGHHHHHH
1992.	유륜 IGF-R1 구축물	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGT
				ACACTCCGATTACAAGGACGACGATGACAAGGAAATCTGTGGCCCGGCA
				TTGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAAAACTGCACG
				GTGATCGAGGGCTTCCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGCCGAGGACTA
				CCGAAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACCGTCATCACTGAGTACTTGCTGC
				TCTTCCGAGTCGCTGGCCTCGAGAGCCTGGGAGACCTCTTCCCCAACCTC
				ACAGTCATCCGTGGCTGGAAACTCTTCTACAACTACGCACTGGTCATCTT
				CGAGATGACCAATCTCAAGGATATTGGGCTTTATAATCTGAGGAACATTA
				CTCGGGGGCCATCAGGATTGAGAAGAACGCCGACCTCTGTTACCTCTCC
				ACCATAGACTGGTCTCTCATCTTGATGCGGTGTCCAATAACTACATTGT
				GGGGAACAAGCCCCCGAAGGAATGTGGGACCTGTGTCCAGGGACATTGG
				AGGAGAAGCCCATGTGTGAGAAGACCACCATCAACAATGAGTACAACTAC
				CGCTGCTGGACCACAAATCGCTGCCAGAAAATGTGCCCAAGTGTGTGCGG
				GAAGCGAGCCTGCACCGAGAACAACGAGTGCTGCCACCCGGAGTGCCTGG
				GCAGCTGCCACACACCGGACGACAACACAACCTGCGTGGCCTGCAGACAC
				TACTACTACAAAGGCGTGTGTGCCTGCCCGCCTGGCACCTACAG
				GTTCGAGGGCTGGCGCTGTGTGGATCGCGATTTCTGCGCCAACATCCCCA
				ACGCTGAGAGCAGTGACTCGGATGGCTTCGTTATCCACGACGATGAGTGC
				ATGCAGGAGTGTCCCTCAGGCTTCATCCGCAACAGCACCCAGAGCATGTA
				CTGTATCCCCTGCGAAGGCCCCTGCCCCAAAGTCTGCGGCGATGAAGAGA
				AGAAAACGAAAACCATCGATTCGGTGACTTCTGCTCAAATGCTCCAAGGA
				TGCACCATCCTGAAGGGCAATCTGCTTATTAACATCCGGAGAGGCAATAA
				CATTGCCTCGGAGTTGGAGAACTTCATGGGGCTCATCGAGGTGGTGACCG
				GCTACGTGAAGATCCGCCATTCTCATGCCTTGGTCTCCTTGTCCTTCCTG
				AAGAACCTTCGTCTCATCTTAGGAGAGGCAGCCTGGAAGGAACTACTC
				CTTCTATGTCCTAGACAACCAGAACTTGCAGCAGCTGTGGGACTGGAACC
				ACCGGAACCTGACCGTCAGGTCCGAAAAGATGTACTTTGCTTTCAATCCC
				AAGCTGTGTGTCTCCGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACCGAACCAA

[1694]

			GGGACGCCAGAGCAAAGGGGACATAAACACCAGGAACAACGGAGAGCGAG
			CTTCCTGTGAAAGTGATGTTCTCCGTTTCACCTCCACCACGACCTGGAAG
			AACCGAATCATCATAACGTGGCACCGGTACCGGCCGCCGGACTACCGGGA
			TCTCATCAGCTTCACAGTTTACTACAAGGAGGCACCATTTAAAAACGTTA
			CGGAATATGACGGGCAGGATGCCTGTGGCTCCAACAGCTGGAACATGGTG
			GATGTAGACCTGCCTCCGAACAAGGAGGGCGAGCCTGGCATTTTACTGCA
			TGGGCTGAAGCCCTGGACCCAGTATGCTGTCTATGTCAAGGCTGTGACCC
			TCACCATGGTGGAAAACGACCATATCCGTGGGGCCAAAAGTGAAATCTTG
			TACATTCGCACCAATGCTTCAGTCCCTTCCATTCCCCTAGATGTCCTCTC
			AGCATCAAACTCTTCCTCTCAGCTGATTGTGAAGTGGAATCCTCCAACTC
			TGCCCAATGGTAACTTGAGTTACTACATTGTGAGGTGGCAGCGGCAGCCC
			CAGGATGGTTACCTGTACCGGCACAACTACTGCTCCAAAGACAAAATACC
			CATCAGAAAGTACGCCGATGGTACCATCGACGTGGAGGAGGTGACGGAAA
			ATCCCAAGACAGAAGTGTGTGGTGGTGATAAAGGGCCATGCTGCGCTTGC
			CCTAAAACTGAAGCTGAGAAGCAGGCTGAGAAGGAGGAGGCTGAGTACCG
			TAAAGTCTTTGAGAATTTCCTTCACAATTCCATCTTTGTGCCCAGGCCCG
			AAAGGAGGCGGAGAGACGTCATGCAAGTGGCCAACACGACCATGTCCAGC
			CGAAGCAGGAACACCACGGTAGCTGACACCTACAATATCACAGACCCGGA
			GGAGTTCGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATAACAAGG
			AGAGGACTGTCATCTCCAACCTCCGGCCTTTCACTCTGTACCGCATCGAT
			ATCCACAGCTGCAACCACGAGGCTGAGAAGCTGGGCTGCAGCGCCTCCAA
			CTTCGTCTTTGCGAGAACCATGCCAGCAGAAGGAGCAGATGATATCCCTG
			GTCCGGTGACCTGGGAGCCAAGACCCGAAAACTCCATCTTTTTAAAGTGG
			CCAGAACCCGAGAACCCCAACGGATTGATCCTAATGTATGAAATTAAATA
			CGGGTCGCAAGTCGAGGATCAGCGGGAATGTGTGTCCAGACAGGAGTACA
			GGAAGTACGGAGAGGGCCAAACTCAACCGTCTAAACCCAGGGAACTATACA
			GCCCGGATTCAGGCTACCTCCCTCTCTGGGAATGGGTCATGGACAGATCC
			TGTGTTCTTCTATGTCCCCGCCAAACGACGTATGAGAACTTCATGCATC
			TGATCATTGCTCTGCCGGTTGCCATCCTGCTGATCGTTGGGGGCCTGGTT
			ATCATGCTGTATGTCTTCCATAGAAAGAGAAATAACAGCAGGTTGGGCAA
			TGGAGTGCTGTATGCTTCTGTGAACCCGAGTATTTCAGCGACGCTGATG
			TGTACGTGCCTGATGAATGGGAGGTAGCTCGAGAGAAGATCACCATGAAC

				CGGGAGCTCGGACAAGGGTCCTTTGGGATGGTCTATGAAGGAGTGGCCAA
				GGGTGTGGTCAAGGATGAACCCGAAACCAGAGTGGCCATCAAGACGGTAA
				ACGAGGCTGCAAGTATGCGTGAAAGAATCGAGTTTCTCAACGAGGCCTCG
				GTGATGAAGGAGTTCAATTGTCACCATGTGGTCCGGTTGCTGGGTGTGG
				TATCCCAAGGCCAGCCCACCCTGGTCATCATGGAACTAATGACACGCGGT
				GATCTCAAAAGTTATCTCCGGTCTCTGAGGCCAGAAAGTGGAGCAGAAATAA
				TCTAGTCCTCATTCCTCCGAGCTTAAGCAAGATGATCCAGATGGCTGGAG
				AGATTGCAGATGGCATGGCCTACCTCAATGCCAACAAGTTCGTCCACAGA
				GACCTTGCTGCTAGGAACTGCATGGTAGCCGAAGATTTCACAGTCAAAAT
				TGGAGATTTCGGTATGACACGAGACATCTACGAGACGGACTACTACCGGA
				AAGGCGGGAAGGGGTTGCTGCCTGTGCGCTGGATGTCTCCCGAGTCCCTC
				AAGGATGGTGTCTTCACTACTCATTCTGATGTCTGGTCCTTCGGGGTCGT
				CCTCTGGGAGATCGCCACGCTGGCTGAGCAGCCCTACCAGGGCTTGTCCA
				ACGAGCAAGTTCTTCGTTTCGTCATGGAGGGTGGCCTTCTGGACAAGCCG
				GACAACTGCCCTGATATGCTGTTTGAACTTATGCGCATGTGCTGGCAGTA
				TAACCCCAAGATGCGGCCCTCCTTCCTGGAGATCATCGGCAGCATCAAGG
				ATGAGATGGAGCCCAGCTTCCAGGAGGTCTCCTTCTACTACAGCGAGGAG
				AACAAGCCTCCCGAGCCAGAGGAGCTGGAGATGGAGCCTGAGAACATGGA
				GAGCGTCCCACTGGACCCTTCGGCCTCCTCAGCCTCCCTGCCTCTGCCTG
				AAAGACACTCAGGACACAAGGCTGAGAATGGCCCCGGGCCCTGGCGTGCTC
				GTTCTCCGCGCCAGTTTTGATGAGACAGCCTTACGCTCACATGAACGG
				GGGACGGCCAACGAGAGGGCCTTGCCTCTGCCCCAGTCCTCGACCTGCT
				GA
1993.	듀린 IGF-R1 구축물	인공	aa	MGWSCIILFLVATATGVHSDYKDDDDKEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCTVIEG
				FLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRGWKLF
				YNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTIDWSLILDAVSNN
				YIVGNKPPKECGDLCPGTLEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQKMCPSVC
				GKRACTENNECCHPECLGSCHTPDDNTTCVACRHYYYKGVCVPACPPGTYR
				FEGWRCVDRDFCANIPNAESSDSDGFVIHDDECMQECPSGFIRNSTQSMYCIPC
				EGPCPKVCGDEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTILKGNLLINIRRGNNIASELENF
				MGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQNLQQL
				WDWNHRNLTVRSGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDINTRNN

[1695]

				GERASCESDVLRFTSTTTWKNRIIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPFKNVT
				EYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKDEGPGILLHGLKPWTQYAVYVKAVTLT
				MVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPTLPNGNLS
				YYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDVEEVTENPKTEVCGGD
				KGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERRRRDVMQVAN
				TTMSSRSRNTTVADTYNITDPEEFETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFTLYRI
				DIHSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLKWPE
				PENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTARIQA
				TSLSGNGSWTDPVFFYVPAKTTYENFMHLIIALPVAILLIVGGLVIMLYVFHRK
				RNNSRLGNGVLYASVNPEYFSAADVYVPDEWEVAREKITMNRELGQGSFGM
				VYEGVAKGVVKDEPETRVAIKTVNEAASMRERIEFLNEASVMKEFNCHHVVR
				LLGVVSQGQPTLVIMELMTRGDLKSYLRSLRPEVEQNNLVLIPPSLSKMIQMA
				GEIADGMAYLNANKFVHRDLAARNCMVAEDFTVKIGDFGMTRDIYETDYYRK
				GGKGLLPVRWMSPESLKDGVFTTHSDVWSFGVVLWEIATLAEQPYQGLSNE
				QVLRFVMEGGLLDKPDNCPDMLFELMRMCWQYNPKMRPSFLEIIGSIKDEME
				PSFQEVSFYYSEENKPPEPEELEMEPENMESVPLDPSASSASLPLPERHSGHK
				AENGPGPGVLVLRASFDERQPYAHMNGGRANERALPLPQSSTC
1994.	돌연변이된 인간 IGF-R1 항원	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGT
				ACACTCCGATTACAAGGACGACGATGACAAGGAAATCTGTGGGCCCGGCA
				TTGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAAAACTGCACG
				GTGATCGAGGGCTTCCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGCCGAGGACTA
				CCGAAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACCGTCATCACTGAGTACTTGCTGC
				TCTTCCGAGTCGCTGGCCTCGAGAGCCTGGGAGACCTCTTCCCCAACCTC
				ACAGTCATCCGTGGCTGGAAACTCTTCTACAACTACGCACTGGTCATCTT
				CGAGATGACCAATCTCAAGGATATTGGGCTTTATAATCTGAGGAACATTA
				CTCGGGGGCCATCAGGATTGAGAAGAACGCCGACCTCTGTTTACCTCTCC
				ACCATAGACTGGTCTCTCATCTTGGATGCGGTGTCCAATAACTACATTGT
				GGGGAACAAGCCCCCGAAGGAATGTGGGACCTGTGTCCAGGGACATTGG
				AGGAGAAGCCCATGTGTGAGAAGACCACCATCAACAATGAGTACAACTAC
				CGCTGCTGGACCACAAATCGCTGCCAGAAAATGTGCCCAAGTGTGTGCGG
				GAAGCGAGCCTGCACCGAGAACAACGAGTGCTGCCACCCCGGAGTGCCTGG
				GCAGCTGCCACACACCGGACGACAACACAACCTGCGTGGCCTGCAGACAC

[1696]

[1697]

			TACTACTACAAAGGCGTGTGTGTGCCTGCCTGCCCGCCTGGCACCTACAG
			GTTCGAGGGCTGGCGCTGTGTGGATCGCGATTTCTGCGGCAACATCCCCA
			ACGCTGAGAGCAGTGACTCGGATGGCTTCGTTATCCACGACGATGAGTGC
			ATGCAGGAGTGTCCCTCAGGCTTCATCCGCAACAGCACCCAGAGCATGTA
			CTGTATCCCCTGCGAAGGCCCCTGCCCCAAGGTCTGTGAGGAAGAAAAGA
			AAACAAAGACCATTGATTCTGTTACTTCTGCTCAGATGCTCCAAGGATGC
			ACCATCTTCAAGGGCAATTTGCTCATTAACATCCGACGGGGGAATAACAT
			TGCTTCAGAGCTGGAGAACTTCATGGGGCTCATCGAGGTGGTGACGGGCT
			ACGTGAAGATCCGCCATTCTCATGCCTTGGTCTCCTTGTCCTTCCTAAAA
			AACCTTCGCCTCATCCTAGGAGAGGAGCAGCTAGAAGGGAATTACTCCTT
			CTACGTCCTCGACAACCAGAACTTGCAGCAACTGTGGGACTGGGACCACC
			GCAACCTGACCATCAAAGCAGGGAAAATGTACTTTGCTTTCAATCCCAAA
			TTATGTGTTTCCGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACGGGACTAAAGG
			GCGCCAAAGCAAAGGGGACATAAACACCAGGAACAACGGGGAGAGAGCCT
			CCTGTGAAAGTGACGTCCTGCATTTCACCTCCACCACCACGTCGAAGAAT
			CGCATCATCATAACCTGGCACCGGTACCGGCCCCCTGACTACAGGGATCT
			CATCAGCTTCACCGTTTACTACAAGGAAGCACCCTTTAAGAATGTCACAG
			AGTATGATGGGCAGGATGCCTGCGGCTCCAACAGCTGGAACATGGTGGAC
			GTGGACCTCCCGCCCAACAAGGACGTGGAGCCCGGCATCTTACTACATGG
			GCTGAAGCCCTGGACTCAGTACGCGTTTACGTCAAGGCTGTGACCCTCA
			CCATGGTGGAGAACGACCATATCCGTGGGCCAAGAGTGAGATCTTGTAC
			ATTCGCACCAATGCTTCAGTTCCTTCCATTCCCTTTGGACGTTCTTTCAGC
			ATCGAACTCCTCTTCTCAGTTAATGTGAAGTGGAACCCTCCCTCTCTGC
			CCAACGGCAACCTGAGTTACTACATTGTGCGCTGGCAGCGGCAGCCTCAG
			GACGGCTACCTTTACCGGCACAATTACTGCTCCAAAGACAAAAATCCCAT
			CAGGAAGTATGCCGACGGCACCATCGACATTGAGGAGGTCACAGAGAACC
			CCAAGACTGAGGTGTGTGGTGGGAGAAAGGGCCTTGCTGCGCCTGCCCC
			AAAACTGAAGCCGAGAAGCAGGCCGAGAAGGAGGAGGCTGAATACCGCAA
			AGTCTTTGAGAATTTCCTGCACAACTCCATCTTCGTGCCCAGACCTGAAA
			GGAAGCGGAGAGATGTCATGCAAGTGGCCAACACCACCATGTCCAGCCGA
			AGCAGGAACACCACGGCCGCAGACACCTACAACATCACCGACCCGGAAGA
			GCTGGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATAACAAGGAGA

[1698]

GAACTGTCATTTCTAACCTTCGGCCTTTCACATTGTACCGCATCGATATC				
CACAGCTGCAACCACGAGGCTGAGAAGCTGGGCTGCAGCCGCCTCCAACTT				
CGTCTTTGCAAGGACTATGCCCGCAGAAGGAGCAGATGACATTCCTGGGC				
CAGTGACCTGGGAGCCAAGGCCTGAAAACTCCATCTTTTTAAAGTGGCCG				
GAACCTGAGAATCCCAATGGATTGATTCTAATGTATGAAATAAAATACGG				
ATCACAAGTTGAGGATCAGCGAGAATGTGTGTCCAGACAGGAATACAGGA				
AGTATGGAGGGGCCAAGCTAAACCGGCTAAACCCGGGGGAACTACACAGCC				
CGGATTCAGGCCACATCTCTCTCTGGGAATGGGTCGTGGACAGATCCTGT				
GTTCTTCTATGTCCAGGCCAAAACAGGATATGAAAACTTCATCCATCTGA				
TCATCGCTCTGCCCGTCGCTGTCCTGTTGATCGTGGGAGGGTTGGTGATT				
ATGCTGTACGTCTTCCATAGAAAGAGAAATAACAGCAGGCTGGGAATGG				
AGTGCTGTATGCCTCTGTGAACCCGGAGTACTTCAGCGCTGCTGATGTGT				
ACGTTCCTGATGAGTGGGAGGTGGCTCGGGAGAAGATCACCATGAGCCGG				
GAACTTGGGCAGGGGTCGTTTGGGATGGTCTATGAAGGAGTTGCCAAGG				
GTGTGGTGAAAGATGAACCTGAAACCAGAGTGGCCATTAAAACAGTGAAC				
GAGGCCGCAAGCATGCGTGAGAGGATTGAGTTTCTCAACGAAGCTTCTGT				
GATGAAGGAGTTCAATTGTCACCATGTGGTGCGATTGCTGGGTGTGGTG				
TCCCAAGGCCAGCCAACACTGGTCATCATGGAACTGATGACACGGGCGA				
TCTCAAAAGTTATCTCCGGTCTCTGAGCCAGAAATGGAGAATAATCCAG				
TCCTAGCACCTCCAAGCCTGAGCAAGATGATTCAGATGGCCGGAGAGATT				
GCAGACGGCATGGCATACCTCAACGCCAATAAGTTCGTCCACAGAGACCT				
TGCTGCCCGGAATTTGCATGGTAGCCGAAGATTTCACAGTCAAAATCGGAG				
ATTTTGGTATGACGCGAGATATCTATGAGACAGACTATTACCGGAAAGGA				
GGGAAAGGCTGCTGCCCGTGCGCTGGATGTCTCCCTGAGTCCCTCAAGGA				
TGGAGTCTTCACCACTTACTCGGACGTCTGGTCCTTCGGGGTCGTCCTCT				
GGGAGATCGCCACACTGGCCGAGCAGCCCTACCAGGGCTTGTCCAACGAG				
CAAGTCCTTCGCTTCGTCATGGAGGCGGCCTTCTGGACAAGCCAGACAA				
CTGTCCTGACATGCTGTTTGAACTGATGCGCATGTGCTGGCAGTATAACC				
CCAAGATGAGGCCTTCCTTCCTGGAGATCATCAGCAGCATCAAAGAGGAG				
ATGGAGCCTGGCTTCCGGGAGGTCTCCTTCTACTACAGCGAGGAGAACAA				
GCTGCCCGAGCCGGAGGAGCTGGAGCCTGGAGCCAGAGAACATGGAGAGCG				
TCCCCCTGACCCCTCGGCCTCCTCGTCCTCCCTGCCACTGCCCGACAGA				

				CACTCAGGACACAAGGCCGAGAACGGCCCGGCCCTGGGGTGCTGGTCCT
				CCGCGCCAGCTTCGACGAGAGACAGCCTTACGCCCACATGAACGGGGGCC
				GCAAGAACGAGCGGGCCTTGCCGCTGCCCCAGTCTTCGACCTGCTGA
1995.	돌연변이된 인간 IGF-R1 항원	인공	aa	MGWSCIILFLVATATGVHSDYKDDDDKEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCTVIEG
				FLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRGWKLF
				YNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTIDWSLILDAVSNN
				YIVGNKPPKECGDLCPGTLEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQKMCPSVC
				GKRACTENNECCHPECLGSCHTPDDNTTCVACRHYYYKGVCVPACPPGTYR
				FEGWRCVDRDFCANIPNAESSDSDGFVIHDDECMQECPSGFIRNSTQSMYCIPC
				EGPCPKVCEEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTIFKGNLLINIRRGNNIASELENFM
				GLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQNLQQLW
				DWDHRNLTIKAGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDINTRNNGE
				RASCESDVLHFTSTTTSKNRIIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPFKNVTEY
				DGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKDVEPGILLHGLKPWTQYAVYVKAVTLTM
				VENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPNGNLSY
				YIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVCGGEKG
				PCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQVANTT
				MSSRSRNTTAADTYNITDPEELETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFTLYRIDI
				HSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLKWPEP
				ENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTARIQAT
				SLSGNGSWTDPVFFYVQAKTGYENFIHLIIALPVAVLLIVGGLVIMLYVFHRKR
				NNSRLGNGVLYASVNPEYFSAADVYVPDEWEVAREKITMSRELGQGSFGMVY
				EGVAKGVVKDEPETRVAIKTVNEAASMRERIEFLNEASVMKEFNCHHVVRLL
				GVVSQGQPTLVIMELMTRGDLKSYLRSLRPEMENNPVLAPPSLSKMIQMAGEI
				ADGMAYLNANKFVHRDLAARNCMVAEDFTVKIGDFGMTRDIYETDYYRKGG
				KGLLPVRWMSPESLKDGVFTTYSDVWSFGVVLWEIATLAEQPYQGLSNEQVL
				RFVMEGGLLDKPDNCPDMLFELMRMCWQYNPKMRPSFLEIISSIKEEMEPGFR
				EVSFYYSEENKLPEPEELDLEPENMESVPLDPSASSSSLPLPDRHSGHKAENG
				PGPGVLVLRASFDERQPYAHMNGGRKNERALPLPQSSTC
1996.	돌연변이된 뮤린 IGF-R1 항원	인공	nt	ATGGGATGGAGCTGTATCATCCTCTTCTTGGTAGCAACAGCTACAGGTGT
				ACACTCCGATTACAAGGACGACGATGACAAGGAAATCTGCGGGCCAGGCA
				TCGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAGAACTGCACG

[1699]

[1700]

GTGATCGAGGGCTACCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGCCGAGGACTA			
CCGCAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACGGTCATTACCGAGTACTTGCTGC			
TGTTCCGAGTGGCTGGCCTCGAGAGCCTCGGAGACCTCTTCCCCAACCTC			
ACGGTCATCCGCGGCTGGAAACTCTTCTACAACTACGCCCTGGTCATCTT			
CGAGATGACCAATCTCAAGGATATATTGGGCTTTACAACCTGAGGAACATTA			
CTCGGGGGCCATCAGGATTGAGAAAAATGCTGACCTCTGTTACCTCTCC			
ACTGTGGACTGGTCCCTGATCCTGGATGCGGTGTCCAATAACTACATTGT			
GGGGAATAAGCCCCCAAAGGAATGTGGGACCTGTGTCCAGGGACCATGG			
AGGAGAAGCCGATGTGTGAGAAGACCACCATCAACAATGAGTACAACTAC			
CGCTGCTGGACCACAAACCGCTGCCAGAAAATGTGCCCAAGCACGTGTGG			
GAAGCGGGCGTGCACCGAGAACAATGAGTGCTGCCACCCCGAGTGCCTGG			
GCAGCTGCAGCGCGCCTGACAACGACACGGCCTGTGTAGCTTGCCGCCAC			
TACTACTATGCCGGTGTCTGTGTGCCTGCCTGCCCGCCCAACACCTACAG			
GTTTGAGGGCTGGCGCTGTGTGGACCGTGACTTCTGCGCCAACATCCTCA			
GCGCCGAGAGCAGCGACTCCGAGGGGTTTGTGATCCACGACGGCGAGTGC			
ATGCAGGAGTGCCCCCTCGGGCTTCATCGCAACGGCAGCCAGAGCATGTA			
CTGCATCCCTTGTGAAGGTCCTTGCCCGAAAGTCTGCGGCGATGAAGAGA			
AGAAAACGAAAACCATCGATTCGGTGACTTCTGCTCAAATGCTCCAAGGA			
TGCACCATCCTGAAGGGCAATCTGCTTATTAACATCCGGAGAGGCAATAA			
CATTGCCTCGGAGTTGGAGAACTTCATGGGCTCATCGAGGTGGTGACCG			
GCTACGTGAAGATCCGCCATTCTCATGCCTTGGTCTCCTTGTCCTTCCTG			
AAGAACCTTCGTCTCATCTTAGGAGAGGAGCAGCTGGAAGGGAACTACTC			
CTTCTATGTCCTAGACAACCAGAACTTGCAGCAGCTGTGGGACTGGAACC			
ACCGGAACCTGACCGTCAGGTCCGGAAAGATGTACTTTGCTTTCAATCCC			
AAGCTGTGTGTCTCCGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACCGGAACCAA			
GGGACGCCAGAGCAAAGGGGACATAAACACCAGGAACAACGGAGAGCGAG			
CTTCCTGTGAAAGTGATGTTCTCCGTTTCACCTCCACCACGACCTGGAAG			
AACCGAATCATCATAACGTGGCACCGGTACCGGCCGCCGGACTACCGGGA			
TCTCATCAGCTTCACAGTTTACTACAAGGAGGCACCATTTAAAAACGTTA			
CGGAATATGACGGGCAGGATGCCTGTGGCTCCAACAGCTGGAACATGGTG			
GATGTAGACCTGCCTCCGAACAAGGAGGCGAGCCCTGGCATTTTACTGCA			
TGGGCTGAAGCCCTGGACCCAGTATGCTGTCTATGTCAAGGCTGTGACCC			

[1701]

TCACCATGGTGGAAAACGACCATATCCGTGGGGCCAAAAGTGAAATCTTG				
TACATTCGCACCAATGCTTCAGTCCCTTCCATTCCCCTAGATGTCCTCTC				
AGCATCAAACTCTTCCTCTCAGCTGATTGTGAAGTGGAATCCTCCAACTC				
TGCCCAATGGTAACTTGAGTTACTACATTGTGAGGTGGCAGCGGCAGCCC				
CAGGATGGTTACCTGTACCGGCACAACTACTGCTCCAAAGACAAAATACC				
CATCAGAAAGTACGCCGATGGTACCATCGACGTGGAGGAGGTGACGGAAA				
ATCCCAAGACAGAAGTGTGTGGTGGTGATAAAGGGCCATGCTGCGCTTGC				
CCTAAAACTGAAGCTGAGAAGCAGGCTGAGAAGGAGGAGGCTGAGTACCG				
TAAAGTCTTTGAGAATTTCCTTCACAATTCCATCTTTGTGCCCAGGCCCG				
AAAGGAGGCGGAGAGACGTCATGCAAGTGGCCAACACGACCATGTCCAGC				
CGAAGCAGGAACACCACGGTAGCTGACACCTACAATATCACAGACCCGGA				
GGAGTTCGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATAACAAGG				
AGAGGACTGTCATCTCCAACCTCCGGCCTTTCACTCTGTACCGCATCGAT				
ATCCACAGCTGCAACCACGAGGCTGAGAAGCTGGGCTGCAGCGCCTCCAA				
CTTCGTCTTTGCGAGAACCATGCCAGCAGAAGGAGCAGATGATATCCCTG				
GTCCGGTGACCTGGGAGCCAAGACCCGAAAACTCCATCTTTTTAAAGTGG				
CCAGAACCCGAGAACCCCAACGGATTGATCCTAATGTATGAAATTAAATA				
CGGGTCGCAAGTCGAGGATCAGCGGGAATGTGTGTCCAGACAGGAGTACA				
GGAAGTACGGAGGGGCCAAACTCAACCGTCTAAACCCAGGGAACTATACA				
GCCCGGATTCAGGCTACCTCCCTCTCTGGAATGGGTCATGGACAGATCC				
TGTGTTCTTCTATGTCCCCGCCAAAACGACGTATGAGAACTTCATGCATC				
TGATCATTGCTCTGCCGGTTGCCATCCTGCTGATCGTTGGGGGCTGGTT				
ATCATGCTGTATGTCTTCCATAGAAAGAGAAATAACAGCAGGTTGGGCAA				
TGGAGTGCTGTATGCTTCTGTGAACCCCGAGTATTTCAGCGCAGCTGATG				
TGTACGTGCCTGATGAATGGGAGGTAGCTCGAGAGAAGATCACCATGAAC				
CGGGAGCTCGGACAAGGGTCCTTTGGATGGTCTATGAAGGAGTGGCCAA				
GGGTGTGGTCAAGGATGAACCCGAAACCAGAGTGGCCATCAAGACGGTAA				
ACGAGGCTGCAAGTATGCGTGAAAGAATCGAGTTTCTCAACGAGGCCTCG				
GTGATGAAGGAGTTCAATTGTCACCATGTGGTCCGGTTGCTGGGTGTGG				
TATCCCAAGGCCAGCCCACCCTGGTCATCATGGAACTAATGACACGCGGT				
GATCTCAAAAGTTATCTCCGGTCTCTGAGGCCAGAAGTGGAGCAGAATAA				
TCTAGTCCTCATTCCTCCGAGCTTAAGCAAGATGATCCAGATGGCTGGAG				

				AGATTGCAGATGGCATGGCCTACCTCAATGCCAACAAGTTCGTCCACAGA
				GACCTTGCTGCTAGGAACTGCATGGTAGCCGAAGATTTCACAGTCAAAAT
				TGGAGATTTCGGTATGACACGAGACATCTACGAGACGGACTACTACCGGA
				AAGGCGGGAAGGGGTTGCTGCCTGTGCGCTGGATGTCTCCCGAGTCCCTC
				AAGGATGGTGTCTTCACTACTCATTCTGATGTCTGGTCCTTCGGGGTCGT
				CCTCTGGGAGATCGCCACGCTGGCTGAGCAGCCCTACCAGGGCTTGTCCA
				ACGAGCAAGTTCTTCGTTTCGTCATGGAGGGTGGCCTTCTGGACAAGCCG
				GACAACTGCCCTGATATGCTGTTTGAACTTATGCGCATGTGCTGGCAGTA
				TAACCCCAAGATGCGGCCCTCCTTCCTGGAGATCATCGGCAGCATCAAGG
				ATGAGATGGAGCCCAGCTTCCAGGAGGTCTCCTTCTACTACAGCGAGGAG
				AACAAGCCTCCCGAGCCAGAGGAGCTGGAGATGGAGCCTGAGAACATGGA
				GAGCGTCCCACTGGACCCTTCGGCCTCCTCAGCCTCCCTGCCTCTGCCTG
				AAAGACACTCAGGACACAAGGCTGAGAATGGCCCGGGCCCTGGCGTGCTC
				GTTCTCCGCGCCAGTTTTGATGAGACAGCCTTACGCTCACATGAACGG
				GGGACGCGCCAACGAGAGGGCCTTGCCTCTGCCCCAGTCCTCGACCTGCT
				GA
1997.	물연변이된 유럽 IGF-R1 항원	인공	aa	MGWSCIILFLVATATGVHSDYKDDDDKEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCTVIEG
				YLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRGWKLF
				YNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTVDWSLILDAVSN
				NYIVGNKPPKECGDLCPGTMEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQKMCPS
				TCGKRACTENNECCHPECLGSCSAPDNDTACVACRHYYYAGVCVPACPPNT
				YRFEGWRCVDRDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQSMYCI
				PCEGPCPKVCGDEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTILKGNLLINIRRGNNIASELE
				NFMGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQNLQ
				QLWDWNHRNLTVRSGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDINTR
				NNGERASCESDVLRFTSTTTWKNRIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPFK
				NVTEYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKEGEPGILLHGLKPWTQYAVYVKAV
				TLTMVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPTLPN
				GNLSYYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDVEEVTENPKTEV
				CGGDKGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERRRRDVM
				QVANTTMSSRSRNTTVADTYNITDPEEFETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPF
				TLYRIDIHSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFL

[1702]

[1703]

				KWPEPENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYT
				ARIQATSLSGNGSWTDPVFFYVPAKTTYENFMHLIIALPVAILLIVGGLVIMLY
				VFHRKRNNSRLGNGVLYASVNPEYFSAADVYVPDEWEVARERITMNRELGQG
				SFGMVYEGVAKGVVKDEPETRVAIKTVNEAASMRERIEFLNEASVMKEFNCH
				HVVRLLGVVSQGQPTLVIMELMTRGDLKSYLRSLRPEVEQNNLVLIPPSLSKM
				IQMAGEIADGMAYLNANKFVHRDLAARNCMVAEDFTVKIGDFGMTRDIYETD
				YYRKGGKGLLPVRWMSPESLKDGVFTTHSDVWSFGVVLWEIATLAEQPYQG
				LSNEQVLRFVMEGGLLDKPDNCPDMLFELMRMCWQYNPKMRPSFLEIIGSIKD
				EMEPSFQEVSFYSEENKPPEPEELEMEPENMESVPLDPSASSASLPLPERHS
				GHKAENGPGPGVLVLRASFDERQPYAHMNGGRANERALPLPQSSTC
1998.	짧은꼬리 원숭이 IGF-R1	인공	nt	ATGAAGTCTGGCTCTGGAGAAGGGTCCCCGACCTCGCTGTGGGGCTCCT
				GTTTCTCTCCGCCGCGCTCTCGCTCTGGCCGACGAGTGGAGAAATCTGTG
				GGCCGGGCATCGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAG
				AACTGCACGGTGATCGAGGGCTACCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGC
				CGAGGACTACCGCAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACGGTCATCACCGAGT
				ACTTGCTGTTGTTCCGAGTGGCTGGCCTAGAGAGCCTCGGAGACCTGTTC
				CCCAACCTCACGGTAATCCGCGGCTGGAAAACTCTTTCTACAACTACGCCT
				GGTCATCTTTGAGATGACCAATCTCAAGGATATTGGGCTTTACAACCTGA
				GGAACATTACTCGGGGGGCCATCAGGATTGAGAAAAATGCTGACCTCTGT
				TACCTCTCCACTGTGGACTGGTCCCTGATCCTGCAGTGTCCAATAA
				CTACATTGTGGGGAATAAGCCCCCAAAGGAATGCGGGGACCTGTGTCCGG
				GGACCATGGAGGAGAAGCCGATGTGCGAGAAGACCACCATCAACAATGAG
				TACAACTACCGCTGCTGGACCACAAACCGCTGCCAGAAAATGTGCCCGAG
				TGCCTGTGGGAAGAGGCATGCACCGAGAACAACGAGTGCTGCCACCCG
				AGTGCCTGGGCAGCTGCAGCGCGCCTGACAACGACACGGCCTGTGTAGCT
				TGCCGCCACTACTACTACGCCGGTGTCTGCGTGCCTGCCCGCCCAA
				CACCTACAGGTTTGAGGGCTGGCGCTGTGTGGACCGTGACTTCTGCGCCA
				ACATCCTCAGCGCCGAGAGCAGCGACTCCGAGGGTTTCGTGATCCACGAC
				GGCGAGTGCATGCAGGAGTGCCCCCTCAGGCTTCATCCGCAACGGCAGCCA
				GAGCATGTACTGCATCCCTTGTGAAGGTCCTTGCCCCAAGGTCTGTGAGG
				AAGAAAAGAAAACAAAGACCATTGATTCTGTTACTTCTGCTCAGATGCTC
				CAAGGATGCACCATCTTCAAGGGCAATTTGCTCATTAACATCCGACGGGG

[1704]

GAATAACATTGCTTCAGAACTGGAGAACTTCATGGGGCTCATCGAGGTGG				
TGACGGGCTACGTGAAGATCCGGCCATTCCCATGCCTTGGTCTCCTTGTCC				
TTCCTAAAAAACCTTCGGCCTCATCTTAGGAGAGGAGCAGCTAGAAGGGAA				
TTACTCCTTCTACGTCCTCGACAACCAGAACTTGCAGCAACTATGGGACT				
GGGACCACCGCAACCTGACCATCAAAGCAGGGAAAATGTACTTTGCTTTC				
AATCCCAAATTGTGTGTTTCGGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACGGG				
GACTAAAGGGCGCCAAAGCAAAGGGGACATAAACACCAGGAACAACGGGG				
AAAGAGCCTCCTGTGAAAGTGACGTCCTGCATTTCACCTCCACCACCACG				
TGGAAGAATCGCATCATCATAACCTGGCACCGGTACCGGCCCCCTGACTA				
CAGGGATCTCATCAGCTTCACCGTTTACTACAAGGAAGCACCTTTTAAGA				
ATGTCACGGAGTATGATGGGCAGGATGCCTGCGGCTCCAACAGCTGGAAC				
ATGGTGGATGTGGACCTCCCGCCCAACAAGGACGTGGAGCCCGGCATCTT				
ACTGCATGGCTGAAGCCCTGGACTCAGTACGCCGTTTACGTCAAGGCTG				
TGACCCTCACCATGGTGGAGAACGACCATATCCGTGGGGCCAAGAGTGAG				
ATCTTGTACATTCGCACCAATGCTTCAGTTCCTTCCATTCCCTTGGACGT				
TCTTTCAGCATCGAACTCCTCTTCTCAGTTAATCGTGAAGTGGAACCCTC				
CCTCTCTGCCCAACGGCAACCTGAGTTACTACATTGTGCGCTGGCAGCGG				
CAGCCTCAGGACGGCTACCTTTACCGGCACAATTACTGCTCCAAAGACAA				
AATCCCCATCAGGAAGTATGCCGACGGCACCATTGACATTGAGGAGGTCA				
CAGAGAACCCGAAGACTGAGGTGTGTGGTGGAGAGAAAGGGCCTTGCTGC				
GCCTGCCCCAAAACTGAAGCTGAGAAGCAGGCCGAGAAGGAGGAGGCTGA				
GTACCGCAAAGTCTTTGAGAATTTCCTGCACAACTCCATCTTTGTGCCCA				
GACCTGAAAGGAAGCGGAGAGATGTCATGCAAGTGGCCAACACCACCATG				
TCCAGCCGAAGCAGGAACACCACGGTGGCAGACACCTACAACATCACAGA				
TCTGGAAAGAGCTAGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATA				
ATAAGGAGAGAACTGTCATTTCTAACCTTCGGCCTTTCACATTGTACCGC				
ATTGATATCCACAGCTGCAACCACGAGGCTGAGAAACTGGGCTGCAGCGC				
CTCCAACTTTGTCTTTGCAAGGACTATGCCTGCAGAAGGAGCAGATGACA				
TTCCTGGGCCAGTGACCTGGGAGCCAAGGCCTGAAAACTCCATCTTTTTA				
AAGTGGCCAGAACCTGAGAATCCCAATGGATTGATTCTAATGTATGAAAT				
AAAATACGGATCACAAGTTGAGGATCAGCGAGAATGTGTGTCCAGACAGG				
AATACAGGAAGTATGGAGGGGCCAAGCTAAACCGGCTAAACCCAGGGAAC				

				TACACAGCCCGGATTCAGGCTACATCTCTCCTCTGGGAATGGGTCGTGGAC
				AGATCCTGTGTTCTTCTATGTCCAGGCCAAAACAGGATATGAAAACTTCA
				TCCATCTGATCATCGCTCTGCCCGTCGCTGTCCTGTTGATCGTGGGAGGG
				TTGGTGATCATGCTGTACGTCTTCCATAGAAAGAGAAATAACAGCAGGCT
				GGGGAATGGAGTGCTGTACGCGTCTGTGAACCCGGAGTACTTCAGCGCTG
				CGGATGTGTACGTTCCTGATGAGTGGGAGGTGGCTCGGGAGAAGATCACC
				ATGAGCCGGGAACTTGGGCAGGGGTCGTTTGGGATGGTCTATGAAGGAG
				TTGCCAAGGGTGTGGTGAAAGACGAACCTGAAACCAGAGTGGCCATTAAA
				ACAGTGAACGAGGCCGCGAGCATGCGTGAAAGGATCGAGTTTCTCAACGA
				GGCTTCTGTGATGAAGGAGTTCAATTGTCACCATGTGGTGCGGTTGCTGG
				GTGTGGTGTCCCAGGGCCAGCCAACGCTGGTCATCATGGAACTGATGACG
				CGGGGCGATCTCAAAAGTTATCTCCGGTCTCTGAGGCCAGAAATGGAGAA
				TAATCCAGTCCTAGCACCTCCAAGCCTAAGCAAGATGATTCAGATGGCTG
				GAGAGATTGCAGACGGCATGGCATACCTCAACGCCAACAAGTTCGTCCAC
				AGAGACCTTGCTGCCCGGAATTGCATGGTAGCCGAGGATTTCACAGTCAA
				AATTGGAGATTTTGGGATGACGCGAGATATCTATGAGACAGACTATTACC
				GGAAAGGAGGAAAGGGCTGTTGCCCGTGCGCTGGATGTCTCCCGAGTCC
				CTCAAGGATGGAGTCTTCACCACTTACTCGGACGTCTGGTCCTTCGGGGT
				TGTCCTCTGGGAGATCGCCACACTGGCCGAGCAGCCCTACCAGGGCTTGT
				CCAACGAGCAAGTCCTTCGCTTCGTCATGGAGGGCGGCCTTCTGGACAAG
				CCAGACAACTGCCCCGACATGCTGTTTGAATTGATGCGCATGTGCTGGCA
				GTACAACCCCAAGATGAGGCCTTCCTTCCTGGAGATCATCAGCAGCATCA
				AAGACGAGATGGAGCCTGGCTTCCGGGAGGTCTCCTTCTACTACAGTGAG
				GAGAACAAGCTGCCCGAGCCGGAGGAGCTGGACCTGGAGCCAGAGAACAT
				GGAGAGCGTCCCCCTGGACCCCTCGGCCTCCTCGTCCTCCCTGCCACTGC
				CCGACAGACACTCAGGACACAAGGCCGAGAACGGCCCCGGCCCTGGAGTG
				CTGGTGCTCCGCGCCAGCTTCGATGAGAGACAGCCTTACGCACACATGAA
				CGGTGGCCGCAAGAACGAGCGGGCCTTGCCGCTGCCCCAGTCTTCGACCT
				GCTGA
1999.	쥐은꼬리 원숭이 IGF-R1	인공	aa	MKSGSGEGSPTSLWGLLFLSAALSLWPTSGEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCT
				VIEGYLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRG
				WKLFYNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTVDWSLILD

[1705]

				AVSNNYIVGNKPPKECGDLCPGTMEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQK
				MCPSACGKRACTENNECCHPECLGSCSAPDNDTACVACRHYYYAGVCVPAC
				PPNTYRFEGWRCVDRDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQS
				MYCIPCEGPCPKVCEEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTIFKGNLLINIRRGNNIAS
				ELENFMGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQ
				NLQQLWDWDHRNLTIKAGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDIN
				TRNNGERASCESDVLHFTSTTTWKNRIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPF
				KNVTEYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKDVEPGILLHGLKPWTQYAVYVKA
				VTLTMVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPN
				GNLSYYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVC
				GGEKGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQ
				VANTTMSSRSRNTTVADTYNITDLEELETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFT
				LYRIDIHSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLK
				WPEPENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTA
				RIQATSLSGNGSWTDPVFFYVQAKTGYENFIHLIIALPVAVLLIVGGLVIMLYVF
				HRKRNNSRLGNGVLYASVNPEYFSAADVYVPDEWEVAREKITMSRELGQGSF
				GMVYEGVAKGVVKDEPETRVAIKTVNEAASMRERIEFLNEASVMKEFNCHH
				VVRLLGVVSQGQPTLVIMELMTRGDLKSYLRSLRPEMENNPVLAPPSLSKMIQ
				MAGEIADGMAYLNANKFVHRDLAARNCMVAEDFTVKIGDFGMTRDIYETDYY
				RKGGKGLLPVRWMSPESLKDGVFTTYSDVWSFGVVLWEIATLAEQPYQGLSN
				EQVLRFVMEGGLLDKPDNCPDMLFELMRMCWQYNPKMRPSFLEIISSIKDEM
				EPGFREVSFYYSEENKLPEPEELDLEPENMESVPLDPSASSSSLPLPDRHSGHK
2000.	인간 c-MET 세포외 4 개 Ig 도메인	인간	aa	AENGPGPGVLVLRASFDERQPYAHMNGGRKNERALPLPQSSTC
				PAIYKVFPNSAPLEGGTRLTICGWDFGFRRNNKFDLKKTRVLLGNESCTLTLS
				ESTMNTLKCTVGPAMNKHFNMSIISNGHGTTQYSTFSYVDPVITSISPKYGP
				MAGGTLLTLTGNYLNSGNSRHISIGGKTCTLKSVSNSILECYTPAQTISTEFAV
				KLKIDLANRETSIFSYREDPIVYEIHPTKSFISGGSTITGVGKNLNSVSVPRMVI
				NVHEAGRNFTVACQHRSNSEIICCTTPSLQQLNLQLPLKTKAFFMLDGILSKY
				FDLIYVHNPVFKPFEKPVMISMGNENVLEIKGNDIDPEAVKGEVLKVGNKSCE
				NIHLHSEAVLCTVPNDLLKLNSELNIEWKQAISSTVLGKVI
2001.	인간 c-MET 세포외 시스테인-			CRHFQSCSQCLSAPPFVQCGWCHDKCVRSEECLSGTWTQQIC

[1706]

	종부 도메인				
2002.	세마 도메인의 인간 c-MET 세포외 베타-쇄	인간	aa	STKKEVFNILQAAYVSKPGAQLARQIGASLNDDILFGVFAQSKPDSAEPMDRS AMCAFPIKYVNDFFNKIVNKNNVRCLQHFYGPNHEHCFNRTLLRNSSGCEAR RDEYRTEFTTALQRVDLFMGQFSEVLLTSISTFIKGDLTIANLGTSEGRFMQV VVSRSGPSTPHVNFLLDSHPVSPEVIVEHTLNQNGYTLVITGKKITKIPLNGLG	
2003.	인간 c-MET 세포외 도메인	인간	aa	ECKEALAKSEMNVNMKYQLPNFTAETPIQNVILHEHHIFLGATNYIYVLNEED LQKVAEYKTGPVLEHPDCFPCQDCSSKANLSGGVWKDNINMALVVDTYYDD QLISCGSVNRGTCQRHVFPHNHTADIQSEVHCIFSPQIEEPSQCPDCVVSALGA KVLSSVKDRFINFFVGNTINSSYFPDHPLHSISVRRLKETKDGFMFLTDQSYID VLPEFRDSYPIKYVHAFESNNFIYFLTVQRETLDAQTFHTRIIRFCSINSGLHSY MEMPLECILTEKRKKRSTKKEVFNILQAAYVSKPGAQLARQIGASLNDDILFGV FAQSKPDSAEPMDRSAMCAFPIKYVNDFFNKIVNKNNVRCLQHFYGPNHEHC FNRTLLRNSSGCEARRDEYRTEFTTALQRVDLFMGQFSEVLLTSISTFIKGDL TIANLGTSEGRFMQVVVSRSGPSTPHVNFLLDSHPVSPEVIVEHTLNQNGYTL VITGKKITKIPLNGLGCRHFQSCSQCLSAPPFVQCGWCHDKCVRSEECLSGTW TQQICLPAIYKVFPNSAPLEGGTRLTICGWDFGFRRNNKFDLKKTRVLLGNES CTLTLSESTMNTLKCTVGPAMNKHFNMSIIISNGHGTTQYSTFSYVDPVITSIS PKYGPMAGGTLLTLTGNYLNSGNSRHISIGGKTCTLKSVSNSILECYTPAQTIS TEFAVKLKIDLANRETSIFSYREDPIVYEIHPTKSFISGGSTITGVGKNLNSVSV PRMVINVHEAGRNFTVACQHRSNSEIICCTTPSLQQLNLQLPLKTKAFFMLDG ILSKYFDLIYVHNPVFKPFEKPVMISMGNENVLEIKGNDIDPEAVKGEVLKVGN KSCENIHLHSEAVLCTVPNDLLKLNSELNIEWKQAISSTVLGKVIVQPDQNF	
2004.	인간 엔도시알린 세포외 류신 도메인	인간	aa	ASQDLGDELLDDGEDEDEDEAWKAFNGGWTEMPGILWMEPTQPPDFALAY RPSFPEDREPQQPYPEPTWPPPLSAPRVPYHSSVLSVTRPVVVSATHPTLPSA HQPPVIPATHPALSRDHQIPVIAANYPDLPSAYQPGILSVSHSAQPPAHQPPMIS TKYPELFPAHQSPMFPDTRVAGTQTTTHLPGIPPNHAPLVTTLGAQLPPQAP DALVLRTQATQLPIIPTAQPSLTTTSRSPVSPAHQISVPAATQPAALPTLLPSQ SPTNQTSPISPTTHPIISKAPQIPREDGPSPKLALWLPSPAPTAAPTALGEAGLA EHSQRDDR	
2005.	인간 엔도시알린 세포외 3 개 EGF-유사 도메인	인간	aa	CSPDNGGCEHECVEEVDGHVSCRCTEGFRLAADGRSCEDPCAQAPCEQQCEP GGPQGYSCHCRLGFRPAEDDPHRCVDTDECQIAGVCQQMCVNYVGGFECYCS EGHELEADGISC	

[1707]

2006.	인간 엔도시알린 세포외 Sushi/SCR/CCP 도메인	인간	aa	PAVYTTPFHLVSTEFEWLPFGSVAAVQCQAGRGASLLCVKQPEGGVGWSRA GPLC
2007.	인간 엔도시알린 세포외 도메인	인간	aa	WAAEPRAACGPSSCYALFPRRRTFLEAWRACRELGGDLATPRTPEEAQRVDS LVGAGPASRLLWIGLQRQARQCQLQRPLRGFTWTTGDQDTAFTNWAQPASG GPCPAQRCVALEASGEHRWLEGSCTLAVDGYLCQFGFEGACPALQDEAGQAG PAVYTTPFHLVSTEFEWLPFGSVAAVQCQAGRGASLLCVKQPEGGVGWSRA GPLCLGTGCSPDNGGEHECVEEVDGHVSCRCTEGFRLAADGRSCEDPCAQA PCEQQCEPGGPQGYSCHCRLGFRPAEDDPHRCVDTDECQIAGVCQQMCVNYV GGFECYCSEGHELEADGISCSPAGAMGAQASQDLGDELLDDGEDEEDEDAW KAFNGGWTEMPGILWMEPTQPPDFALAYRPSFPEDREPQIPYPEPTWPPPLSA PRVPYHSSVLSVTRPVVVSATHPTLPSAHQPPVIPATHPALSRDHQIPVIAANY PDLPSAYQPGILSVSHSAQPPAHQPPMISTKYPELFPAHQSPMFPDTRVAGTQ TTTHLPGIPPNHAPLVTTLGAQLPPQAPDALVLRTQATQLPIIPTAQPSLTTT SRSPVSPAHQISVPAATQPAALPTLLPSQSPTNQTSPISPTHPHSKAPQIPRED GPSPKLALWLPSPAPTAAPTALGEAGLAEHSQRDDR
2008.	인간 IGF-R1 세포외 3 개 피브로넥틴 III 형 도메인	인간	aa	SDVLHFTSTTTSKNRIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPFKNVTEYDGQDA CGSNSWNMVDVDLPPNKDVEPGILLHGLKPWTQYAVYVKAVTLTMVENDHI RGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPNGNLSYYIVRWQ RQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVCGGEKGPCCACP KTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQVANTTMSSRSR NTTAADTYNITDPEELETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFTLYRIDIHSCNHE AEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLKWPEPENPNGLI LMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTARIQATSLSGNGS WTDPVFFYVQAKTGYENFIHL
2009.	인간 IGF-R1 세포외 L2 도메인	인간	aa	KVCEEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTIFKGNLLINIRRGNNIASELENFMGLIEV VTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQNLQQLWDWD HRNLTIKAGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDINTRNNGERAS CE
2010.	인간 IGF-R1 세포외 도메인	인간	aa	EICGPGIDIRNDYQQLKRLENCTVIEGYLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLL LFRVAGLESLGDLFPNLTVIRGWKLFYNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGA

[1708]

[1709]

				IRIEKNADLCYLSTVDWSLILDAVSNNYIVGNKPPKECGDLCPGTMEEKPMCE
				KTTINNEYNYRCWTTNRCQKMCPSTCGKRACTENNECCHPECLGSCSAPDN
				DTACVACRHYYYAGVCVPACPPNTYRFEGWRCVDRDFCANILSAESSDSEGF
				VIHDGECMQECPSGFIRNGSQSMYCIPCEGPCPKVCEEEKKTKTIDSVTSAQM
				LQGCTIFKGNLLINIRRGNNIASELENFMGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKN
				LRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQNLQQLWDWDHRNLTIKAGKMYFAFNPKLCV
				SEIYRMEEVTGTKGRQSKGDINTRNNGERASCESDVLHFTSTTTSKNRIITW
				HRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPFKNVTEYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKD
				VEPGILLHGLKPWTQYAVYVKAVTLTMVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPL
				DVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPNGNLSYYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKI
				PIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVCGGEKGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKV
				FENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQVANTTMSSRSRNTTAADTYNITDPEELET
				EYPFFESRVDNKERTVISNLRPFTLYRIDIHSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMP
				AEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLKWPEPENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVS
				RQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTARIQATSLSGNGSWTDPVFFYVQAKTGYENF
				IHL
2011.	IGF-1R-1	인공	nt	ATGAAGTCTGGCTCCGGCGGAGGGTCCCGACCTCGCTGTGGGGCTCCT
				GTTTCTCTCCGCCGCGCTCTCGCTCTGGCCGACGAGTGGAGAAATCTGCG
				GGCCAGGCATCGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAG
				AACTGCACGGTGATCGAGGGCTACCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGC
				CGAGGACTACCGCAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACGGTCATTACCGAGT
				ACTTGCTGCTGTTCCGAGTGGCCTCGAGAGCCTCGGAGACCTCTTC
				CCCAACCTCACGGTCATCCGCGGCTGGAAACTCTTCTACAACTACGCCCT
				GGTCATCTTCGAGATGACCAATCTCAAGGATATTGGGCTTTACAACCTGA
				GGAACATTACTCGGGGGGCCATCAGGATTGAGAAAAATGCTGACCTCTGT
				TACCTCTCCACTGTGGACTGGTCCCTGATCCTGGATGCGGTGTCCAATAA
				CTACATTGTGGGGAATAAGCCCCCAAAGGAATGTGGGGACCTGTGTCCAG
				GGACCATGGAGGAGAAGCCGATGTGTGAGAAGACCACCATCAACAATGAG
				TACAACTACCGCTGCTGGACCACAAACCGCTGCCAGAAAATGTGCCCAAG
				CACGTGTGGGAAGCGGGCGTGCACCGAGAACAATGAGTGCTGCCACCCCG
				AGTGCCTGGGCAGCTGCAGCGCGCCTGACAACGACACGGCCTGTGTAGCT
				TGCGGCCACTACTACTATGCCGGCTGTCTGTGTGCCTGCCTGCCCGCCAA

[1710]

				CACCTACAGGTTTGAGGGCTGGCGCTGTGTGGACCGTGACTTCTGCGCCA
				ACATCCTCAGCGCCGAGAGCAGCGACTCCGAGGGGGTTTGTGATCCACGAC
				GGCGAGTGCATGCAGGAGTGCCCCTCGGGCTTCATCCGCAACGGCAGCCA
				GAGCATGTACTGCATCCCTTGTGAAGGTCCTTGCCCGAAGGTCTGTGAGG
				AAGAAAAGAAAACAAAGACCATTGATTCTGTTACTTCTGCTCAGATGCTC
				CAAGGATGCACCATCTTCAAGGCAATTTTGCTCATTAACATCCGACGGGG
				GAATAACATTGCTTCAGAGCTGGAGAACTTCATGGAGGCTCATCGAGGTGG
				TGACGGGCTACGTGAAGATCCGCCATTCTCATGCCTTGGTCTCCTTGTCC
				TTCCTAAAAAACCTTCGCCTCATCCTAGGAGAGGAGCAGCTAGAAGGGAA
				TTACTCCTTCTACGTCCTCGACAACCAGAACTTGCAGCAACTGTGGGACT
				GGGACCACCGCAACCTGACCATCAAAGCAGGGAAAATGTACTTTGCTTTC
				AATCCCAAATTATGTGTTTCCGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACGGG
				GACTAAAGGGCGCCAAAGCAAAGGGACATAAACACCAGGAACAACGGGG
				AGAGAGCCTCCTGTGAAAGTGACGTCCTGCATTTCACCTCCACCACCACG
				TCGAAGAATCGCATCATCATAACCTGGCACCGGTACCGGCCCCCTGACTA
				CAGGGATCTCATCAGCTTCACCGTTTACTACAAGGAAGCACCCTTTAAGA
				ATGTCACAGAGTATGATGGGCAGGATGCCTGCGGCTCCAACAGCTGGAAC
				ATGGTGGACGTGGACCTCCCGCCCAACAAGGACGTGGAGCCCGGCATCTT
				ACTACATGGGCTGAAGCCCTGGACTCAGTACGCCGTTTACGTCAAGGCTG
				TGACCCTCACCATGGTGGAGAACGACCATATCCGTGGGGCCAAGAGTGAG
				ATCTTGTACATTCGCACCAATGCTTCAGTTCCTTCCATTCCCTTGGACGT
				TCTTTCAGCATCGAACTCCTCTTCTCAGTTAATCGTGAAGTGGAACCCTC
				CCTCTCTGCCCAACGGCAACCTGAGTTACTACATTGTGCGCTGGCAGCGG
				CAGCCTCAGGACGGCTACCTTTACCGGCACAATTACTGCTCCAAAGACAA
				AATCCCCATCAGGAAGTATGCCGACGGCACCATCGACATTGAGGAGGTCA
				CAGAGAACCCCAAGACTGAGGTGTGTGGTGGGGAGAAAGGCCTTGCTGC
				GCCTGCCCCAAAACTGAAGCCGAGAAGCAGGCCGAGAAGGAGGAGCTGA
				ATACCGCAAAGTCTTTGAGAATTTCCTGCACAACTCCATCTTCGTGCCCA
				GACCTGAAAGGAAGCGGAGAGATGTCATGCAAGTGGCCAACACCACCATG
				TCCAGCCGAAGCAGGAACACCACGGCCGCAGACACCTACAACATCACCGA
				CCCGGAAGAGCTGGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATA
				ACAAGGAGAGAACTGTCATTTCTAACCTTCGGCCTTTCACATTGTACCGC

			CTGGTCCTCCGCGCCAGCTTCGACGAGACAGCCTTACGCCCACATGAA CGGGGCCGCAAGAACGAGCGGGCCTTGCCGCTGCCCCAGTCTTCGACCT GCTGA
2012.	IGF-1R-2	인공	aa	MKSGSGGGSPTSLWGLLFLSAALSLWPTSGEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCT VIEGYLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRG WKLFYNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTVDWSLILD AVSNNYIVGNKPPKECGDLCPGTMEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQK MCPSTCGKRACTENNECCHPECLGSCSAPDNDTACVACRHYYYAGVCVPAC PPNTYRFEGWRCVDRDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQS MYCIPCEGPCPKVCEEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTIFKGNLLINIRRGNNIAS ELENFMGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQ NLQQLWDWDHRNLTIKAGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDIN TRNNGERASCESDVLHFTSTTTSKNRIIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPF KNVTEYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKDVEPGILLHGLKPWTQYAVYVKA VTLTMVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPN GNLSYYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVC GGEKGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQ VANTTMSSRSRNTTAADTYNITDPEELETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFT LYRIDIHSCNHEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLK WPEPENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTA RIQATSLSGNGSWTDPVFFYVQAKTGYENFIHLIIALPVAVLLIVGGLVIMLYVF HRKRNNSRLGNGVLYASVNPEYFSAADVYVPDEWEVAREKITMSRELGQGSF GMVYEGVAKGVVKDEPETRVAIKTVNEAASMRERIEFLNEASVMKEFNCHH VVRLLGVVSQGQPTLVIMELMTRGDLKSYLRSLRPEMENNPVLAPPSLSKMIQ MAGEIADGMAYLNANKFVHRDLAARNCMVAEDFTVKIGDFGMTRDIYETDYY RKGGKGLLPVRWMSPESLKDGVFTTYSDVWSFGVVLWEIATLAEQPYQGLSN EQVLRFVMEGGLLDKPDNCPDMLFELMRMCWQYNPKMRPSFLEIISSIKEEME PGFREVSFYYSEENKLPEPEELDLEPENMESVPLDPSASSSSLPLPDRHSGHKA ENGPGPGVLVLRASFDERQPYAHMNGGRKNERALPLPQSSTC
2013.	IGF-1R-3	인공	nt	ATGAAGTCTGGCTCTGGAGAAGGGTCCCCGACCTCGCTGTGGGGGCTCCT GTTTCTCTCCGCCGCGCTCTCGCTCTGGCCGACGAGTGGAGAAATCTGTG

[1712]

[1713]

				GGCCGGGCATCGACATCCGCAACGACTATCAGCAGCTGAAGCGCCTGGAG
				AACTGCACGGTGATCGAGGGCTACCTCCACATCCTGCTCATCTCCAAGGC
				CGAGGACTACCGCAGCTACCGCTTCCCCAAGCTCACGGTCATCACCGAGT
				ACTTGCTGTTGTTCCGAGTGGCTGGCCTAGAGAGCCTCGGAGACCTGTTC
				CCCAACCTCACGGTAATCCGCGGCTGGAAACTCTTTCTACAACTACGCACT
				AGTCATCTTTGAGATGACCAATCTCAAGGATATTGGGCTTTACAACCTGA
				GGAACATTACTCGGGGGGCCATCAGGATTGAGAAAAATGCTGACCTCTGT
				TACCTCTCCACTGTGGACTGGTCCCTGATCCTGGATGCAGTGTCCAATAA
				CTACATTGTGGGGAATAAGCCCCCAAAGGAATGCGGGGGACCCTGTGTCCGG
				GGACCATGGAGGAGAAGCCGATGTGCGAGAAGACCACCATCAACAATGAG
				TACAACTACCGCTGCTGGACCACAAACCGCTGCCAGAAAATGTGCCCGAG
				TGCCTGTGGGAAGAGGCATGCACCGAGAACAACGAGTGCTGCCACCCCG
				AGTGCCTGGGCAGCTGCAGCGCGCCTGACAACGACACGGCCTGTGTAGCT
				TGCCGCCACTACTACTACGCCGGTGTCTGCGTGCCTGCCTGCCCGCCCAA
				CACCTACAGGTTTGAGGGCTGGCGCTGTGTGGACCGTGACTTCTGCGCCA
				ACATCCTCAGCGCCGAGAGCAGCGACTCCGAGGGTTTCGTGATCCACGAC
				GGCGAGTGCATGCAGGAGTGCCCCTCAGGCTTCATCCGCAACGGCAGCCA
				GAGCATGTACTGCATCCCTTGTGAAGGTCCTTGCCCCAAGGTCTGTGAGG
				AAGAAAAGAAAACAAAGACCATTGATTCTGTTACTTCTGCTCAGATGCTC
				CAAGGATGCACCATCTTCAAGGGCAATTTTGCTCATTAACATCCGACGGG
				GAATAACATTGCTTCAGAACTGGAGAACTTCATGGGGCTCATCGAGGTGG
				TGACGGGCTACGTGAAGATCCGCCATTCCCATGCCCTTGGTCTCCTTGTCC
				TTCCTAAAAAAACCTTCGCCTCATCTTAGGAGAGGAGCAGCTAGAAGGGAA
				TTACTCCTTCTACGTCCTCGACAACCAGAACTTGCAGCAACTATGGACT
				GGGACCACCGCAACCTGACCATCAAAGCAGGAAAATGTACTTTGCTTTC
				AATCCCAAATTGTGTGTTTCGAAATTTACCGCATGGAGGAAGTGACGGG
				GACTAAAGGGCGCCAAAGCAAAGGGACATAAACACCAGGAACAACGGGG
				AAAGAGCCTCCTGTGAAAGTGACGTCCTGCATTTCACCTCCACCACCG
				TGGAAGAATCGCATCATCATAACCTGGCACCGGTACCGGCCCCCTGACTA
				CAGGGATCTCATCAGCTTCACCGTTTACTACAAGGAAGCACCTTTTAAGA
				ATGTCACGGAGTATGATGGGCAGGATGCCTGCGGCTCCAACAGCTGGAAC
				ATGGTGGATGTGGACCTCCCGCCCAACAAGGACGTGGAGCCCGGCATCTT

[1714]

ACTGCATGGGCTGAAGCCCTGGACTCAGTACGCCGTTTACGTCAAGGCTG				
TGACCCTCACCATGGTGGAGAACGACCATATCCGTGGGGCCAAGAGTGAG				
ATCTTGTACATTCGCACCAATGCTTCAGTTCCTTCCATTCCCTTGGACGT				
TCTTTCAGCATCGAACTCCTCTTCTCAGTTAATCGTGTAAGTGGAACCCTC				
CCTCTCTGCCCAACGGCAACCTGAGTTACTACATTGTGCGCTGGCAGCGG				
CAGCCTCAGGACGGCTACCTTTACCGGCACAATTACTGCTCCAAAGACAA				
AATCCCCATCAGGAAGTATGCCGACGGCACCATTGACATTGAGGAGGTCA				
CAGAGAACCCGAAGACTGAGGTGTGTGGTGGAGAGAAAGGGCCTTGCTGC				
GCCTGCCCCAAAACTGAAGCTGAGAAGCAGGCCGAGAAGGAGGAGGCTGA				
GTACCGCAAAGTCTTTGAGAATTTCCTGCACAACTCCATCTTTGTGCCCA				
GACCTGAAAGGAAGCGGAGAGATGTCATGCAAGTGGCCAACACCACCATG				
TCCAGCCGAAGCAGGAACACCACGGTGGCAGACCTACAACATCACAGA				
TCTGGAAGAGCTAGAGACAGAGTACCCTTTCTTTGAGAGCAGAGTGGATA				
ATAAGGAGAGAACTGTCATTTCTAACCTTCGGCCTTTCACATTGTACCGC				
ATTGATATCCACAGCTGCAACCACGAGGCTGAGAAACTGGGCTGCAGCGC				
CTCCAACTTTGTCTTTGCAAGGACTATGCCTGCAGAAGGAGCAGATGACA				
TTCCTGGGCCAGTGACCTGGGAGCCAAGGCCTGAAAACTCCATCTTTTTA				
AAGTGGCCAGAACCTGAGAATCCCAATGGATTGATTCTAATGTATGAAAT				
AAAATACGGATCACAAGTTGAGGATCAGCGAGAATGTGTGTCCAGACAGG				
AATACAGGAAGTATGGAGGGGCCAAGCTAAACCGGCTAAACCCCGGGAAC				
TACACAGCCCGGATTCAGGCTACATCTCTCTCTGGAATGGGTCGTGGAC				
AGATCCTGTGTTCTTCTATGTCCAGGCCAAAACAGGATATGAAAACTTCA				
TCCATCTGATCATCGGCTCTGCCCGTCGCTGTCCTGTTGATCGTGGGAGGG				
TTGGTGATCATGCTGTACGTCTTCCATAGAAAGAGAAATAACAGCAGGCT				
GGGGAATGGAGTGCTGTACGCGTCTGTGAACCCGGAGTACTTCAGCGCTG				
CGGATGTGTACGTTCCTGATGAGTGGAGGTGGCTCGGGAGAAAGATCACC				
ATGAGCCGGGAACTTGGGCAGGGGTCGTTTGGGATGGTCTATGAAGGAG				
TTGCCAAGGGTGTGGTGAAAGACGAACCTGAAACCAGAGTGGCCATTAAA				
ACAGTGAACGAGGCCGCGAGCATGCGTGAAAGGATCGAGTTTCTCAACGA				
GGCTTCTGTGATGAAGGAGTTCAATTGTCACCATGTGGTGCGGTTGCTGG				
GTGTGGTGTCCCAGGGCCAGCCAACGCTGGTCATCATGGAACTGATGACG				
CGGGGCGATCTCAAAAGTTATCTCCGGTCTCTGAGGCCAGAAATGGAGAA				

				TAATCCAGTCCTAGCACCTCCAAGCCTAAGCAAGATGATTCAGATGGCTG
				GAGAGATTGCAGACGGCATGGCATACCTCAACGCCAACAAGTTCGTCCAC
				AGAGACCTTGCTGCCCGGAATTGCATGGTAGCCGAGGATTTCACAGTCAA
				AATTGGAGATTTTGGGATGACGCGAGATATCTATGAGACAGACTATTACC
				GGAAAGGAGGGAAAGGGCTGTTGCCCGTGCGCTGGATGTCTCCCGAGTCC
				CTCAAGGATGGAGTCTTCACCACTTACTCGGACGTCTGGTCCTTCGGGGT
				TGTCCTCTGGGAGATCGCCACACTGGCCGAGCAGCCCTACCAGGGCTTGT
				CCAACGAGCAAGTCCTTCGCTTCGTCATGGAGGGCGGCCTTCTGGACAAG
				CCAGACAACTGCCCCGACATGCTGTTTGAATTGATGCGCATGTGCTGGCA
				GTACAACCCCAAGATGAGGCCTTCCTTCCTGGAGATCATCAGCAGCATCA
				AAGACGAGATGGAGCCTGGCTTCCGGGAGGTCTCCTTCTACTACAGTGAG
				GAGAACAAGCTGCCCGAGCCGGAGAGCTGGACCTGGAGCCAGAGAACAT
				GGAGAGCGTCCCCCTGGACCCCTCGGCCTCCTCGTCCTCCCTGCCACTGC
				CCGACAGACACTCAGGACACAAGGCCGAGAACGGCCCCGGCCCTGGAGTG
				CTGGTGCTCCGCGCCAGCTTCGATGAGAGACAGCCTTACGCACACATGAA
				CGGTGGCCGCAAGAACGAGCGGGGCCTTGCCGCTGCCCCAGTCTTCGACCT
				GCTGA
2014.	IGF-1R-4	인공	aa	MKSGSGEGSPTSLWGLLFLSAALSLWPTSGEICGPGIDIRNDYQQLKRLENCT
				VIEGYLHILLISKAEDYRSYRFPKLTVITEYLLLFRVAGLESLGDLFPNLTVIRG
				WKLFYNYALVIFEMTNLKDIGLYNLRNITRGAIRIEKNADLCYLSTVDWSLILD
				AVSNNYIVGNKPPKECGDLCPGTMEEKPMCEKTTINNEYNYRCWTTNRCQK
				MCPSACGKRACTENNECCHPECLGSCSAPDNDTACVACRHYYYAGVCVPAC
				PPNTYRFEGWRCVDRDFCANILSAESSDSEGFVIHDGECMQECPSGFIRNGSQS
				MYCIPCEGPCPKVCEEEKKTKTIDSVTSAQMLQGCTIFKGNLLNIRRGNNIAS
				ELENFMGLIEVVTGYVKIRHSHALVSLSFLKNLRLILGEEQLEGNYSFYVLDNQ
				NLQQLWDWDHRNLTIKAGKMYFAFNPKLCVSEIYRMEEVTGTKGRQSKGDIN
				TRNNGERASCESDVLHFTSTTTWKNRIITWHRYRPPDYRDLISFTVYYKEAPF
				KNVTEYDGQDACGSNSWNMVDVDLPPNKDVEPGILLHGLKPWTQYAVYVKA
				VTLTMVENDHIRGAKSEILYIRTNASVPSIPLDVLSASNSSSQLIVKWNPPSLPN
				GNLSYYIVRWQRQPQDGYLYRHNYCSKDKIPIRKYADGTIDIEEVTENPKTEVC
				GGEKGPCCACPKTEAEKQAEKEEAEYRKVFENFLHNSIFVPRPERKRRDVMQ
				VANTTMSSRSRNTTVADTYNITDLEELETEYPFFESRVDNKERTVISNLRPFT

[1715]

				LYRIDIHSCNIEAEKLGCSASNFVFARTMPAEGADDIPGPVTWEPRPENSIFLK
				WPEPENPNGLILMYEIKYGSQVEDQRECVSRQEYRKYGGAKLNRLNPGNYTA
				RIQATSLSGNGSWTDPVFFYVQAKTGYENFIHLIIALPVAVLLIVGGLVIMLYVF
				HRKRNNSRLGNGVLYASVNPEYFSAADVYVPDEWEVAREKITMSRELGQGSF
				GMVYEGVAKGVVKDEPETRVAIKTVNEAASMRERIEFLNEASVMKEFNCHH
				VVRLLGVVSQGQPTLVIMELMTRGDLKSYLRSLRPEMENNPVLAPPSLSKMIQ
				MAGEIADGMAYLNANKFVHRDLAARNCMVAEDFTVKIGDFGMTRDIYETDYY
				RKGGKGLLPVRWMSPESLKDGVFTTYSDVWSFGVVLWEIATLAEQPYQGLSN
				EQVLRFVMEGGLLDKPDNCPDMLFELMRMCWQYNPKMRPSFLEIISSIKDEM
				EPGFREVSFYYSEENKLPEPEELDLEPENMESVPLDPSASSSSLPLPDRHSGHK
				AENGPGPGVLVLRASFDERQPYAHMNGGRKNERALPLPQSSTC
2015.	IGF1R2-H	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIP
				IFGTANYAQKFQGRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARAPLRFLEW
				STQDHYYYYYMDVWGKGTTVTVSS
2016.	IGF1R2-HCDR1	인공	aa	SYAIS
2017.	IGF1R2-HCDR2	인공	aa	GIIPIFGTANYAQKFQG
2018.	IGF1R2-HCDR3	인공	aa	APLRFLEWSTQDHYYYYYMDV
2019.	IGF1R2-H	인공	nt	GAGGTGCAACTAGTCCAGAGCGGAGCGGAGGTGAAGAAACCTGGATCCAG
				CGTGAAAGTGAGCTGTAAGGCTAGCGGAGGCACATTCTCCTCGTATGCCA
				TTAGCTGGGTTAGACAAGCACCTGGACAAGGACTGGAGTGGATGGGAGGG
				ATAATCCCAATCTTCGGAACTGCCAACTACGCACAGAAGTTCCAAGGACG
				GGTCACCATCACTGCGGATAAGTCCACCTCGACTGCCTACATGGAGCTCA
				GTAGCTTACGGAGCGAAGACACAGCCGTATACTATTGCGCACGAGCACCC
				CTAAGATTCCTGGAGTGGAGCACGCAGGATCACTATTACTATTACTACAT
				GGACGTGTGGGGAAAGGGAACGACTGTCACCGTTTCAAGC
2020.	IGF1R2-L	인공	aa	SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRSYYATWYQQKPGQAPILVIYGENKR
				PSGIPDRFSGSSSGNTASLTITGAQAEDEADYYCKSRDGSGQHLVFGGGTKLT
				VL
2021.	IGF1R2-LCDR1	인공	aa	QGDSLRSYYAT
2022.	IGF1R2-LCDR2	인공	aa	GENKRPS
2023.	IGF1R2-LCDR3	인공	aa	KSRDGSGQHLV
2024.	IGF1R2-L	인공	nt	AGCTCGGAATTGACCCAGGATCCTGCTGTATCCGTCGCTCTCGGACAAAC

[1716]

				CGTGCGCATAACATGTCAAGGGACTCCCTGAGGAGCTACTACGCCACAT
				GGTACCAGCAAAAAACCCGGACAAGCTCCAATCCTGGTGATTTATGGCGAA
				AACAAGCGTCCCTCAGGGATCCCAGACAGGTTTAGCGGAAGTTCGAGCGG
				CAATACTGCCAGTCTGACGATTACCGGAGCTCAAGCTGAGGATGAAGCCG
				ACTACTATTGCAAATCACGCGACGGAAGCGGCCAGCACCTGGTGTTTGGT
				GGCGGGACAAAGCTGACCGTTTTG
2025.	IGF1R2-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIP
				IFGTANYAQKFQGRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARAPLRFLEW
				STQDHYYYYYMDVWGKGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSSSELTQDPAVSV
				ALGQTVRITCQGDSLRSYYATWYQQKPGQAPILVIYGENKRPSGIPDRFSGSSS
				GNTASLTITGAQAEDEADYYCKSRDGSGQHLVFGGGTKLTVL
2026.	IGF1R2-HL	인공	nt	GAGGTGCAACTAGTCCAGAGCGGAGCGGAGGTGAAGAAACCTGGATCCAG
				CGTGAAAGTGAGCTGTAAGGCTAGCGGAGGCACATTCTCCTCGTATGCCA
				TTAGCTGGGTTAGACAAGCACCTGGACAAGGACTGGAGTGGATGGGAGGG
				ATAATCCCAATCTTCGGAACTGCCAACTACGCACAGAAGTTCCAAGGACG
				GGTCACCATCACTGCGGATAAGTCCACCTCGACTGCCTACATGGAGCTCA
				GTAGCTTACGGAGCGAAGACACAGCCGTATACTATTGCGCACGAGCACCC
				CTAAGATTCCTGGAGTGGAGCACGCAGGATCACTATTACTATTACTACAT
				GGACGTGTGGGGAAAGGAACGACTGTCACCGTTTCAAGCGGTGGAGGTG
				GAAGTGGTGGAGGAGGGAGCGGTGGGGGAGGATCAAGCTCGGAATTGACC
				CAGGATCCTGCTGTATCCGTCGCTCTCGGACAAACCGTGCGCATAACATG
				TCAAGGGACTCCCTGAGGAGCTACTACGCCACATGGTACCAGCAAAAAC
				CCGGACAAGCTCCAATCCTGGTGATTTATGGCGAAAACAAGGGTCCCTCA
				GGGATCCCAGACAGGTTTAGCGGAAGTTCGAGCGGGCAATACTGCCAGTCT
				GACGATTACCGGAGCTCAAGCTGAGGATGAAGCCGACTACTATTGCAAAT
				CACGGCGACGGAAGCGGCCAGCACCTGGTGTTTGGTGGCGGGACAAAGCTG
				ACCGTTTTG
2027.	IGF1R2HLxI2CHL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGSSVKVSCKASGGTFSSYAISWVRQAPGQGLEWMGGIIP
				IFGTANYAQKFQGRVTITADKSTSTAYMELSSLRSEDTAVYYCARAPLRFLEW
				STQDHYYYYYMDVWGKGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSSSELTQDPAVSV
				ALGQTVRITCQGDSLRSYYATWYQQKPGQAPILVIYGENKRPSGIPDRFSGSSS
				GNTASLTITGAQAEDEADYYCKSRDGSGQHLVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQL

[1717]

			VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
			NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
			SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
			VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
			GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2028.	IGF1R2HLxI2CHL	인공	nt	GAGGTGCAACTAGTCCAGAGCGGAGCGGAGGTGAAGAAACCTGGATCCAG
				CGTGAAAGTGAGCTGTAAGGCTAGCGGAGGCACATTCTCCTCGTATGCCA
				TTAGCTGGGTTAGACAAGCACCTGGACAAGGACTGGAGTGGATGGGAGGG
				ATAATCCCAATCTTCGGAACTGCCAACTACGCACACAGAAGTTCCAAGGACG
				GGTCACCATCACTGCGGATAAGTCCACCTCGACTGCCTACATGGAGCTCA
				GTAGCTTACGGAGCGAAGACACAGCCGTATACTATTGCGCACGAGCACCC
				CTAAGATTCCTGGAGTGGAGCACGCAGGATCACTATTACTATTACTACAT
				GGACGTGTGGGGAAAGGGAACGACTGTCACCGTTTCAAGCGGTGGAGGTG
				GAAGTGGTGGAGGAGGGAGCGGTGGGGGAGGATCAAGCTCGGAATTGACC
				CAGGATCCTGCTGTATCCGTCGCTCTCGGACAAACCGTGCGCATAACATG
				TCAAGGGACTCCCTGAGGAGCTACTACGCCACATGGTACCAGCAAAAAC
				CCGGACAAGCTCCAATCCTGGTGATTTATGGCGAAAACAAGCGTCCCTCA
				GGGATCCCAGACAGGTTTAGCGGAAGTTCGAGCGGCAATACTGCCAGTCT
				GACGATTACCGGAGCTCAAGCTGAGGATGAAGCCGACTACTATTGCAAAT
				CACGCGACGGAAGCGGCCAGCACCTGGTGTTTGGTGGCGGGACAAAGCTG
				ACCGTTTTGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGG
				AGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCT
				CTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCA
				GGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATT
				ATGCAACATATTATATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGA
				GATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAGACTGA
				GGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCT
				ACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCC
				TCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCA
				GACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAG
				TCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTAC
				CCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGG

[1718]

				TGGGACTAAGTTCCTGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCC
				TGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGAT
				GAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGG
				TGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2029.	IGF1R7-H	인공	aa	QVELVESGGGVVQPGRSQRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIW
				FDGSSTYYADSVRGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYFCARELGRRYF
				DLWGRGTLVSVSS
2030.	IGF1R7-HCDR1	인공	aa	SYGMH
2031.	IGF1R7-HCDR2	인공	aa	IIWFDGSSTYYADSVRG
2032.	IGF1R7-HCDR3	인공	aa	ELGRRYFDL
2033.	IGF1R7-H	인공	nt	CAGGTCGAATTGGTGGAAAGCGGGGGAGGCGTCGTTCAGCCTGGTAGGAG
				CCAGAGGCTTAGCTGTGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCTAGCTACGGAA
				TGCACTGGGTGAGACAGGCACCCGGAAAAAGGACTGGAATGGGTGGCATC
				ATCTGGTTTGACGGCTCTTCCACCTACTATGCCGATAGCGTGAGAGGACG
				CTTCACCATCTCCCGTGACAACTCCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA
				ATAGCCTGCGAGCTGAGGACACTGCCGTGTACTTTTGTGCACGGGAGCTG
				GGACGTAGGTACTTTGATCTGTGGGGAAGAGGCACACTGGTTAGCGTTAG
				CTCC
2034.	IGF1R7-L	인공	aa	EIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASKR
				AYGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQRSKWPPWTFGQGTKVES
				K
2035.	IGF1R7-LCDR1	인공	aa	RASQSVSSYLA
2036.	IGF1R7-LCDR2	인공	aa	DASKRAY
2037.	IGF1R7-LCDR3	인공	aa	QQRSKWPP
2038.	IGF1R7-L	인공	nt	GAAATCGTGCTCACCCAGAGCCCTGCCACATTGAGCCTTTCACCTGGCGA
				GCGAGCTACATTGTCATGCCGAGCTAGCCAGAGCGTGAGCTCTTACCTGG
				CATGGTATCAGCAGAAACCTGGGCAGGCTCCACGACTGCTCATCTATGAC
				GCCTCCAAGCGAGCCTATGGGATTCCTGCAAGGTTTAGCGGAAGCGGAAG
				CGGAACCGATTTCACCCTGACTATCTCCTCACTCGAGCCTGAGGACTTTG
				CCGTGTATTACTGCCAGCAGCGGAGCAAGTGGCCTCCATGGACATTCGGC
				CAGGGTACCAAAGTGGAGAGCAAG
2039.	IGF1R7-HL	인공	aa	QVELVESGGGVVQPGRSQRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIW

[1719]

				FDGSSTYYADSVRGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYFCARELGRRYF
				DLWGRGTLVSVSSGGGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRA
				SQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASKRAYGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLE
				PEDFAVYYCQQRSKWPPWTFGQGTKVESK
2040.	IGF1R7-HL	인공	nt	CAGGTCGAATTGGTGGAAAGCGGGGGGAGGCGTCGTTCAGCCTGGTAGGAG
				CCAGAGGCTTAGCTGTGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCTAGCTACGGAA
				TGCACTGGGTGAGACAGGCACCCCGGAAAAGGACTGGAATGGGTGGCCATC
				ATCTGGTTCGACGGCTCTTCCACCTACTATGCCGATAGCGTGAGAGGACG
				CTTCACCATCTCCCGTGACAACTCCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA
				ATAGCCTGCGAGCTGAGGACACTGCCGTGTACTTTTGTGCACGGGAGCTG
				GGACGTAGGTACTTTGATCTGTGGGGAAGAGGCACACTGGTTAGCGTTAG
				CTCCGGCGGAGGGGAAGCCGGAGGCGGAGGTAGCGGGGGGAGGTGGAAGCG
				AAATCGTGCTCACCCAGAGCCCTGCCACATTGAGCCTTTCACCTGGCGAG
				CGAGCTACATTGTCATGCCGAGCTAGCCAGAGCGTGAGCTCTTACCTGGC
				ATGGTATCAGCAGAAACCTGGGCAGGCTCCACGACTGCTCATCTATGACG
				CCTCCAAGCGAGCCTATGGGATTCCTGCAAGGTTTAGCGGAAGCGGAAGC
				GGAACCGATTTCACCCTGACTATCTCCTCACTCGAGCCTGAGGACTTTGC
				CGTGTATTACTGCCAGCAGCGGAGCAAGTGGCCTCCATGGACATTCGGCC
				AGGGTACCAAAGTGGAGAGCAAG
2041.	IGF1R7HLxI2CHL	인공	aa	QVELVESGGGVVQPGRSQRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIW
				FDGSSTYYADSVRGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYFCARELGRRYF
				DLWGRGTLVSVSSGGGSGGGGSGGGGSEIVLTQSPATLSLSPGERATLSCRA
				SQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASKRAYGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLE
				PEDFAVYYCQQRSKWPPWTFGQGTKVESKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG
				SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK
				DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQG
				TLVTVSSGGGSGGGSGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAV
				TSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ
				PEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2042.	IGF1R7HLxI2CHL	인공	nt	CAGGTCGAATTGGTGGAAAGCGGGGGGAGGCGTCGTTCAGCCTGGTAGGAG
				CCAGAGGCTTAGCTGTGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCTAGCTACGGAA
				TGCACTGGGTGAGACAGGCACCCCGGAAAAGGACTGGAATGGGTGGCCATC

				ATCTGGTTCGACGGCTCTTCCACCTACTATGCCGATAGCGTGAAGGGACG
				CTTCACCATCTCCCGTGACAACTCCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA
				ATAGCCTGCGAGCTGAGGACACTGCCGTGTACTTTTGTGCACGGGAGCTG
				GGACGTAGGTACTTTGATCTGTGGGGAAGAGGCACACTGGTTAGCGTTAG
				CTCCGGCGGGAGGGGGAAGCGGAGGCGGGGGAGGTGGAAGCG
				AAATCGTGCTCACCCAGAGCCCTGCCACATTGAGCCTTTCACCTGGCGAG
				CGAGCTACATTGTCATGCCGAGCTAGCCAGAGCGTGAGCTCTTACCTGGC
				ATGGTATCAGCAGAAACCTGGGCAGGCTCCACGACTGCTCATCTATGACG
				CCTCCAAGCGAGCCTATGGGATTCCTGCAAGGTTTAGCGGAAGCGGAAGC
				GGAACCGATTTCACCCTGACTATCTCCTCACTCGAGCCTGAGGACTTTGC
				CGTGTATTACTGCCAGCAGCGGAGCAAGTGGCCTCCATGGACATTCGGCC
				AGGGTACCAAAGTGGAGAGCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAG
				CTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACT
				CTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGG
				TCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGT
				AAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTT
				CACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACA
				ACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAAC
				TTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGCTTACTGGGGCCAAGGACTCT
				GGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTCTCGGCGGCGGCGGCTCCGGTG
				GTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCA
				CCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTAC
				ATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCC
				GTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGA
				TTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGT
				ACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACC
				GCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2043.	IGF1R9-H	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSIYRMQWVRQAPGKGLEWVSGISP
				SGGTTWYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARWSGGSG
				YAFDIWGQGTMVTVSS
2044.	IGF1R9-HCDR1	인공	aa	IYRMQ
2045.	IGF1R9-HCDR2	인공	aa	GISPSGGTTWYADSVKG

[1721]

2046.	IGF1R9-HCDR3	인공	aa	WSGGSGYAFDI
2047.	IGF1R9-H	인공	nt	GAAGTTCAGCTGCTCGAGAGCGGAGGTGGACTTGTGCAGCCTGGGGGATC ACTGAGATTGTCATGCGCAGCTAGCGGCTTTACCTTCTCCATCTATCGCA TGCAGTGGGTTCGACAGGCACCCGGAAAGGGATTGGAATGGGTCTCCGGC ATTAGCCCTAGCGGGGGAACAACCTGGTATGCCGATAGCGTGAAGGGCAG GTTCACCATCTCTAGGGACAACAGCAAAAATACTCTGTACCTGCAGATGA ACTCCCTGCGTGCCGAGGATACTGCGTCTACTACTGTGCTCGATGGTCC GGTGGCTCCGGCTATGCCTTCGATATCTGGGGACAGGGTACAATGGTGAC TGTGAGTAGC
2048.	IGF1R9-L	인공	aa	DIQMTQSPLSLSASVGDRVTITCQASRDIRNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASSL QTGVPSRFGGSGSGTDFSFTIGSLQPEDIATYYCQQFDSLPHTFGQGTKLEIK
2049.	IGF1R9-LCDR1	인공	aa	QASRDIRNYLN
2050.	IGF1R9-LCDR2	인공	aa	DASSLQT
2051.	IGF1R9-LCDR3	인공	aa	QQFDSLPHT
2052.	IGF1R9-L	인공	nt	GACATTCAGATGACCCAGAGCCCATTGTCACTGTCAGCTTCCGTGGGCGA TCGGGTGACCATTACATGCCAGGCTTCACGCGACATCAGGAACTACCTGA ACTGGTATCAGCAGAAGCCTGGCAAAGCCCCCAAGCTCCTTATCTACGAC GCAAGCTCACTGCAGAGTGGTGTTCCCTCAAGATTCGGTGGAAGCGGGAG TGGCACCGACTTTAGCTTTACCATCGGCTCTCTGCAGCCTGAGGACATCG CCACATATTACTGCCAGCAGTTTGACTCCCTGCCACACACATTTGGCCAG GGCACCAAACTGGAGATCAAG
2053.	IGF1R9-HL	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSIYRMQWVRQAPGKGLEWVSGISP SGGTTWYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARWSGGSG YAFDIWGQGTMVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPLSLSASVGDRVTI TCQASRDIRNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASSLQTGVPSRFGGSGSGTDFSFTI GSLQPEDIATYYCQQFDSLPHTFGQGTKLEIK
2054.	IGF1R9-HL	인공	nt	GAAGTTCAGCTGCTCGAGAGCGGAGGTGGACTTGTGCAGCCTGGGGGATC ACTGAGATTGTCATGCGCAGCTAGCGGCTTTACCTTCTCCATCTATCGCA TGCAGTGGGTTCGACAGGCACCCGGAAAGGGATTGGAATGGGTCTCCGGC ATTAGCCCTAGCGGGGGAACAACCTGGTATGCCGATAGCGTGAAGGGCAG GTTCACCATCTCTAGGGACAACAGCAAAAATACTCTGTACCTGCAGATGA ACTCCCTGCGTGCCGAGGATACTGCGTCTACTACTGTGCTCGATGGTCC

[1722]

[1723]

			GGTGGCTCCGGCTATGCCTTCGATATCTGGGACAGGGTACAATGGTGAC
			TGTGAGTAGCGGAGGGGGAGGTAGCGGAGGAGGTGGAAGTGGCGGAGGT
			GGAAGCGACATTCAGATGACCCAGAGCCCATTGTCACTGTCAGCTTCCGT
			GGGCGATCGGGTGACCATTACATGCCAGGCTTCACGCGACATCAGGAACT
			ACCTGAACTGGTATCAGCAGAAGCCTGGCAAAGCCCCCAAGCTCCTTATC
			TACGACGCAAGCTCACTGCAGACTGGTGTTCCCTCAAGATTCGGTGGAAG
			CGGGAGTGGCACCGACTTTAGCTTTACCATCGGCTCTCTGCAGCCTGAGG
			ACATCGCCACATATTACTGCCAGCAGTTTGACTCCCTGCCACACACATTT
			GGCCAGGGCACCAAACTGGAGATCAAG
2055.	IGF1R9HLxI2CHL	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSIYRMQWVRQAPGKGLEWVSGISP
				SGGTTWYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARWSGGSG
				YAFDIWGQGTMVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPLSLSASVGDRVTI
				TCQASRDIRNYLNWYQQKPGKAPKLLIYDASSLQTGVPSRFGGSGSGTDFSFTI
				GSLQPEDIATYYCQQFDSLPHTFGQGTKLEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPG
				GSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSV
				KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQ
				GTLVTVSSGGGGSGGGGSGQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA
				VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV
				QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2056.	IGF1R9HLxI2CHL	인공	nt	GAAGTTCAGCTGCTCGAGAGCGGAGGTGGACTTGTGCAGCCTGGGGGATC
				ACTGAGATTGTCATGCGCAGCTAGCGGCTTTACCTTCTCCATCTATCGCA
				TGCAGTGGGTTCGACAGGCACCCGGAAAGGGATTGGAATGGGTCTCCGGC
				ATTAGCCCTAGCGGGGGGAACAACCTGGTATGCCGATAGCGTGAAGGGCAG
				GTTCACCATCTCTAGGGACAACAGCAAAAATACTCTGTACCTGCAGATGA
				ACTCCCTGCGTGCCGAGGATACTGCCGTCTACTACTGTGCTCGATGGTCC
				GGTGGCTCCGGCTATGCCTTCGATATCTGGGGACAGGGTACAATGGTGAC
				TGTGAGTAGCGGAGGGGGAGGTAGCGGAGGAGGTGGAAGTGGCGGAGGT
				GGAAGCGACATTCAGATGACCCAGAGCCCATTGTCACTGTCAGCTTCCGT
				GGGCGATCGGGTGACCATTACATGCCAGGCTTCACGCGACATCAGGAACT
				ACCTGAACTGGTATCAGCAGAAGCCTGGCAAAGCCCCCAAGCTCCTTATC
				TACGACGCAAGCTCACTGCAGACTGGTGTTCCCTCAAGATTCGGTGGAAG
				CGGGAGTGGCACCGACTTTAGCTTTACCATCGGCTCTCTGCAGCCTGAGG

[1724]

				ACATCGCCACATATTACTGCCAGCAGTTTGACTCCCTGCCACACACATTT
				GGCCAGGGCACCAAACTGGAGATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGT
				GCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGA
				AACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAAC
				TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAG
				AAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACA
				GGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATG
				AACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGG
				GAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGA
				CTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCC
				GGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGT
				ATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTG
				TTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCA
				CCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGC
				CAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAG
				GGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGC
				AACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2057.	IGF1R10-H	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYHMAWVRQAPGKGLEWVSVIS
				PTGGRTTYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTATYYCARAGYSYG
				YGYFDYWGQGTLVTVSS
2058.	IGF1R10-HCDR1	인공	aa	NYHMA
2059.	IGF1R10-HCDR2	인공	aa	VISPTGGRTTYADSVKG
2060.	IGF1R10-HCDR3	인공	aa	AGYSYGYGYFDY
2061.	IGF1R10-H	인공	nt	GAAGTGCAGCTCTTTGGAGAGCGGAGGGGACTTGTGCAGCCTGGCGGATC
				CTTGAGACTTTCTTTGCGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCAAATTACCACA
				TGGCCTGGGTGAGACAGGCTCCTGGAAAGGGCTCGAATGGGTTTCCGTG
				ATTAGCCCAACCGGAGGGAGGACCACATATGCCGATAGCGTCAAGGGAG
				GTTTACAATCAGCCGTGACAACCTCCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA
				ACTCACTGCGAGCCGAGGATACTGCAACCTACTACTGCGCTCGAGCCGGA
				TACTCATACGGCTATGGCTACTTCGACTACTGGGGACAGGGAACACTGGT
				GACCGTTAGTAGC
2062.	IGF1R10-L	인공	aa	DIQMTQFPATLSVSPGERATLSCRASQSVMRNLAWYQQKPGQPPRLLIYGASK

				RATGIPARFSGSGSGTAFTLTISNLEPEDFAVYYCHQRSTWPLGTFGPGTKLE AK
2063.	IGF1R10-LCDR1	인공	aa	RASQSVMRNLA
2064.	IGF1R10-LCDR2	인공	aa	GASKRAT
2065.	IGF1R10-LCDR3	인공	aa	HQRSTWPLGT
2066.	IGF1R10-L	인공	nt	GATATTCAGATGACCCAGTTCCCTGCAACCTTGAGCGTGTCACCTGGCGA AAGAGCCACACTGTCTTGCCGAGCAAGCCAGAGCGTGATGCGGAACCTGG CATGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGCCTCCACGACTGCTGATCTATGGA GCTAGCAAAAGAGCCACCGGAATCCCCGCTAGTTTAGCGGAAGCGGAAG CGGAACTGCCTTTACCCTGACCATCTCCAATCTCGAGCCTGAGGACTTTG CCGTCTACTACTGTCACCAGCGTAGCACTTGGCCTCTGGGGACATTTGGA CCTGGCACAAAGCTGGAAGCTAAG
2067.	IGF1R10-HL	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYHMAWVRQAPGKGLEWVSVIS PTGGRTTYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTATYYCARAGYSYG YGYFDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQFPATLSVSPGERAT LSCRASQSVMRNLAWYQQKPGQPPRLLIYGASKRATGIPARFSGSGSGTAFTL TISNLEPEDFAVYYCHQRSTWPLGTFGPGTKLEAK
2068.	IGF1R10-HL	인공	nt	GAAGTGCAGCTCTTGGAGAGCGGAGGGGACTTGTGCAGCCTGGCGGATC CTTGAGACTTTCTTGCGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCAAATTACCACA TGGCCTGGGTGAGACAGGCTCCCTGGAAAAGGGCTCGAATGGGTTTCCGTG ATTAGCCCAACCGGAGGGAGGACCACATATGCCGATAGCGTCAAGGGGAG GTTTACAATCAGCCGTGACAACTCCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA ACTCACTGCGAGCCGAGGATACTGCAACCTACTACTGCGCCTCGAGCCGGA TACTCATACGGCTATGGCTACTTCGACTACTGGGGACAGGGAACACTGGT GACCGTTAGTAGCGGAGGGGGAGGTTCTGGCGGAGGTGGAAGCGGGGGCG GGGGAAGCGATATTCAGATGACCCAGTTCCCTGCAACCTTGAGCGTGTCA CCTGGCGAAAGAGCCACACTGTCTTGCCGAGCAAGCCAGAGCGTGATGCG GAACCTGGCATGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGCCTCCACGACTGCTGA TCTATGGAGCTAGCAAAAGAGCCACCGGAATCCCCGCTAGGTTTAGCGGA AGCGGAAGCGGAACTGCCTTTACCCTGACCATCTCCAATCTCGAGCCTGA GGACTTTGCCGTCTACTACTGTCACCAGCGTAGCACTTGGCCTCTGGGGA CATTTGGACCTGGCACAAAGCTGGAAGCTAAG

[1725]

2069.	IGF1R10HLxI2CH L	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYHMAWVRQAPGKGLEWVSVIS
				PTGGRTTYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTATYYCARAGYSYG
				YGYFDYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQFPATLSVSPGERAT
				LSCRASQSVMRNLAWYQQKPGQPPRLLIYGASKRATGIPARFSGSGSGTAFTL
				TISNLEPEDFAVYYCHQRSTWPLGTFGPGTKLEAKSGGGGSEVQLVESGGGL
				VQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYY
				ADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAY
				WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSS
				TGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTL
				SGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2070.	IGF1R10HLxI2CH L	인공	nt	GAAGTGCAGCTCTTGGAGAGCGGAGGGGGACTTGTGCAGCCTGGCGGATC
				CTTGAGACTTTCTTGCGCTGCCTCGGTTTCACCTTCTCAAATTACCACA
				TGGCCTGGGTGAGACAGGCTCCTGGAAAAGGGCTCGAATGGGTTTCCGTG
				ATTAGCCCAACCGGAGGGAGGACCACATATGCCGATAGCGTCAAGGGAG
				GTTTACAATCAGCCGTGACAACTCCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA
				ACTCACTGCGAGCCGAGGATACTGCAACCTACTACTGCGCTCGAGCCGGA
				TACTCATACGGCTATGGCTACTTCGACTACTGGGGACAGGGAACACTGGT
				GACCGTTAGTAGCGGAGGGGGAGGTTCTGGCGGAGGTGGAAGCGGGGGCG
				GGGGAAGCGATATTCAGATGACCCAGTTCCCTGCAACCTTGAGCGTGTCA
				CCTGGCGAAAGAGCCACACTGTCTTGCCGAGCAAGCCAGAGCGTGATGCG
				GAACCTGGCATGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGCCTCCACGACTGCTGA
				TCTATGGAGCTAGCAAAAGAGCCACCGGAATCCCCGCTAGGTTTAGCGGA
				AGCGGAAGCGGAACTGCCTTTACCCTGACCATCTCCAATCTCGAGCCTGA
				GGACTTTGCCGTCTACTACTGTCACCAGCGTAGCACTTGGCCCTCTGGGGA
				CATTTGGACCTGGCACAAAGCTGGAAGCTAAGTCCGGAGGTGGTGGATCC
				GAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTC
				ATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCA
				TGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGC
				ATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGA
				AAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTA
				CAAATGAACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAG
				ACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCC

[1726]

				AAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGC GGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACT CACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTTGTGGCTCCTCGACTG GGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGT CAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTAC TCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCC TCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGG
2071.	IGF1R11-H	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSKYMMSWVRQAPGKGLEWVSYIS PSGGLTWYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLREADTAVYYCARDGARGY GMDVWGQGTTVTVSS
2072.	IGF1R11-HCDR1	인공	aa	KYMMS
2073.	IGF1R11-HCDR2	인공	aa	YISPSGGLTWYADSVKG
2074.	IGF1R11-HCDR3	인공	aa	DGARGYGMDV
2075.	IGF1R11-H	인공	nt	GAGGTCCAGCTGTTGGAAAGCGGAGGCGGACTCGTGCAGCCTGGCGGATC TTTGGCACTTTCCTGTGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCCAAGTACATGA TGAGCTGGGTGAGACAGGCACCAGGCAAAGGACTGGAATGGGTGAGCTAC ATTAGCCCATCTGGCGGACTGACATGGTATGCCGATAGTGTTAAGGGGAG GTTCACCATCAGTAGGGACAATAGCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGA ACTCACTGCGAGAGGCTGATACTGCCGTGTATTACTGCGCAAGGGATGGA GCTAGAGGCTATGGAATGGACGTGTGGGGACAGGGAACAACCGTCACCGT GAGCAGT
2076.	IGF1R11-L	인공	aa	DIQMTQSPATLSLSPGERATLSCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASN RATGIPARFSGSGSGTDFTLTISSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPEVTFGPGTKV DIK
2077.	IGF1R11-LCDR1	인공	aa	RASQSVSSYLA
2078.	IGF1R11-LCDR2	인공	aa	DASNRAT
2079.	IGF1R11-LCDR3	인공	aa	QQRSNWPPEVT
2080.	IGF1R11-L	인공	nt	GACATTCAGATGACACAGAGCCCTGCCACACTGAGCCTGTCACCTGGAGA GCGAGCTACATTGAGCTGTCGCGCTAGCCAGAGCGTGTCTTCCTATCTTG CCTGGTACCAGCAGAAACCTGGACAGGCACCAAGACTCCTGATCTACGAC GCCTCCAACCGTGCAACTGGCATCCCTGCTCGGCTTTTCTGGCTCTGGCTC

[1727]

				TGGGACCGACTTTACCTTGACCATCTCCTCACTGGAACCCGAGGATTTTG
				CCGTGTACTATTGCCAGCAGCGGAGCAATTGGCCTCCCGAAGTCACTTTT
2081.	IGF1R11-HL	인공	aa	GGCCCTGGCACCAAAGTGGATATCAAG
				EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSKYMMSWVRQAPGKGLEWVSYIS
				PSGGLTWYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLREADTAVYYCARDGARGY
				GMDVWGQGTTVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPATLSLSPGERATL
				SCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTI
				SSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPEVTFGPGTKVDIK
2082.	IGF1R11-HL	인공	nt	GAGGTCCAGCTGTTGGAAAGCGGAGGCGGACTCGTGCAGCCTGGCGGATC
				TTTGCGACTTTCCTGTGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCCAAGTACATGA
				TGAGCTGGGTGAGACAGGCACCAGGCAAAGGACTGGAATGGGTGAGCTAC
				ATTAGCCCATCTGGCGGACTGACATGGTATGCCGATAGTGTTAAGGGGAG
				GTTCACCATCAGTAGGGACAATAGCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGA
				ACTCACTGCGAGAGGCTGATACTGCCGTGTATTACTGCGCCAAGGGATGGA
				GCTAGAGGCTATGGAATGGACGTGTGGGGACAGGGAACAACCGTCACCGT
				GAGCAGTGGGGGAGGCGGAAGCGGAGGGGGAGGTAGTGGAGGGGGAGGCT
				CAGACATTCAGATGACACAGAGCCCTGCCACACTGAGCCTGTCACCTGGA
				GAGCGAGCTACATTGAGCTGTCGCGCTAGCCAGAGCGTGTCTTCCTATCT
				TGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGACAGGCACCAAGACTCCTGATCTACG
				ACGCCTCCAACCGTGCAACTGGCATCCCCTGCTCGCTTTTCTGGCTCTGGC
				TCTGGGACCGACTTTACCTTGACCATCTCCTCACTGGAACCCGAGGATTT
				TGCCGTGTACTATTGCCAGCAGCGGAGCAATTGGCCTCCCGAAGTCACTT
				TTGGCCCTGGCACCAAAGTGGATATCAAG
2083.	IGF1R11HLxI2CH	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSKYMMSWVRQAPGKGLEWVSYIS
	L			PSGGLTWYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLREADTAVYYCARDGARGY
				GMDVWGQGTTVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPATLSLSPGERATL
				SCRASQSVSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYDASNRATGIPARFSGSGSGTDFTLTI
				SSLEPEDFAVYYCQQRSNWPPEVTFGPGTKVDIKSGGGGSEVQLVESGGGLV
				QPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYA
				DSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYW
				GQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSST
				GAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLS

[1728]

				GVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2084.	IGF1R11HLx12CH L	인공	nt	GAGGTCCAGCTGTTGGAAAGCGGAGGCGGACTCGTGCAGCCTGGCGGATC TTTGCGACTTTCCTGTGCTGCCTCCGGTTTCACCTTCTCCAAGTACAATGA TGAGCTGGGTGAGACAGGCACCAGGCAAAGGACTGGAATGGGTGAGCTAC ATTAGCCCATCTGGCGGACTGACATGGTATGCCGATAGTGTTAAGGGGAG GTTCACCATCAGTAGGGACAATAGCAAGAACACCCTGTACCTGCAGATGA ACTCACTGCGAGAGGCTGATACTGCCGTGTATTACTGCGCAAGGGATGGA GCTAGAGGCTATGGAATGGACGTGTGGGGACAGGGAACAACCGTCACCGT GAGCAGTGGGGGAGGCGGAAGCGGAGGGGGAGGTAGTGGAGGGGGAGGCT CAGACATTCAGATGACACAGAGCCCTGCCACACTGAGCCTGTCACCTGGA GAGCGAGCTACATTGAGCTGTCGGCTAGCCAGAGCGTGTCTTCCTATCT TGCCTGGTACCAGCAGAAACCTGGACAGGCACCAAGACTCCTGATCTACG ACGCCTCCAACCGTGCAACTGGCATCCCTGCTCGCTTTTCTGGCTCTGGC TCTGGGACCGACTTTACCTTGACCATCTCCTCACTGGAACCCGAGGATTT TGCCGTGTACTATTGCCAGCAGCGGAGCAATTGGCCTCCCGAAGTCACTT TTGGCCCTGGCACCAAAGTGGATATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAG GTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGA ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATA AGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAA ATGAACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACA TGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAG GGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGC TCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTGACTGGGG CTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAG GCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCC TGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCT CAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTAC AGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA

[1729]

2085.	IGF1R12-H	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYPMYWVRQAPGKGLEWVSRIS SSGGRTVYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRWSRS AAEYGLGGYWGQGTLVTVSS
2086.	IGF1R12-HCDR1	인공	aa	NYPMY
2087.	IGF1R12-HCDR2	인공	aa	RISSSGGRTVYADSVKG
2088.	IGF1R12-HCDR3	인공	aa	DRWSRSAAEYGLGGY
2089.	IGF1R12-H	인공	nt	GAAGTCCAGCTCCTTGAAAGCGGTGGCGGATTGGTCCAGCCTGGAGGCTC TTTGAGACTCTCCTGTGCCGCATCAGGCTTCACCTTTTCCAACTATCCTA TGTACTGGGTTCGCCAGGCTCCTGGAAAGGCTTGGAATGGGTGTCACGG ATTAGCTCTAGCGGGGGGAAGGACTGTCTATGCCGATTCCGTGAAAGGGAG ATTCACCATCTCTCGGGACAATAGCAAGAACACCCTGTATCTCCAGATGA ACTCTCTTCGTGCCGAAGACACTGCCGTGTATTACTGCGCCACGAGACCGA TGGAGCCGATCAGCAGCTGAATACGGCTTGGGAGGCTACTGGGGTCAGGG AACTCTTGTGACTGTCTCTAGC
2090.	IGF1R12-L	인공	aa	DIQMTQSPDSLAVSLGERATINCKSSQSVLYSSNNKNYLAWYQQKPGQPPKLL IYLASTRESGVPDRFSGSGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTWTFGQG TKVEIK
2091.	IGF1R12-LCDR1	인공	aa	KSSQSVLYSSNNKNYLA
2092.	IGF1R12-LCDR2	인공	aa	LASTRES
2093.	IGF1R12-LCDR3	인공	aa	QQYYSTWT
2094.	IGF1R12-L	인공	nt	GATATCCAGATGACTCAGAGCCCTGATTCACTGGCAGTGTCTCTCGGAGA ACGTGCCACAATCAACTGCAAGAGTAGCCAGTCCGTCCTTTACTCCTCCA ACAACAAAAACTACCTCGCATGGTACCAGCAGAAACCTGGGCAGCCACCC AAACTTCTCATCTATCTTGCTTCCACACGTGAGAGTGGCGTGCCTGACCG TTTTAGCGGATCCGGTAGCGGAACAGATTTCACTCTCACAATCTCAAGCC TGCAGGCTGAAGATGTCGCAGTCTACTATTGCCAGCAGTATTACTCAACC TGGACATTCGGACAGGGGACAAAAGTGGAGATCAAA
2095.	IGF1R12-HL	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYPMYWVRQAPGKGLEWVSRIS SSGGRTVYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRWSRS AAEYGLGGYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPDSLAVSLGE RATINCKSSQSVLYSSNNKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYLASTRESGVPDRFSG SGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTWTFGQGTKVEIK

[1730]

2096.	IGF1R12-HL	인공	nt	GAAGTCCAGCTCCTTGAAAGCGGTGGCGGATTGGTCCAGCCTGGAGGCTC
				TTTGAGACTCTCCTGTGCCGCATCAGGCTTCACCTTTTCCAACTATCCTA
				TGTACTGGGTTCGCCAGGCTCCTGGAAAAGGCTTGGAATGGGTGTCACGG
				ATTAGCTCTAGCGGGGGAAGGACTGTCTATGCCGATTCCGTGAAAGGGAG
				ATTCACCATCTCTCGGGACAATAGCAAGAACACCCTGTATCTCCAGATGA
				ACTCTCTTCGTGCCGAAGACACTGCCGTGTATTACTGCGCACGAGACCGA
				TGGAGCCGATCAGCAGCTGAATACGGCTTGGGAGGCTACTGGGGTCAGGG
				AACTCTTGTGACTGTCTCTAGCGGAGGCGGTGGAAGCGGGGGGAGGCGGAT
				CTGGTGGAGGCGGAAGCGATATCCAGATGACTCAGAGCCCTGATTCACTG
				GCAGTGTCTCTCGGAGAACGTGCCCACAATCAACTGCAAGAGTAGCCAGTC
				CGTCCTTTACTCCTCCAACAACAAAAACTACCTCGCATGGTACCAGCAGA
				AACCTGGGCAGCCACCCAAACTTCTCATCTATCTTGCTTCCACACGTGAG
				AGTGGCGTGCCTGACCGTTTTAGCGGATCCGGTAGCGGAACAGATTTCAC
				TCTCACAATCTCAAGCCTGCAGGCTGAAGATGTCGCAGTCTACTATTGCC
				AGCAGTATTACTCAACCTGGACATTCGGACAGGGGACAAAAGTGGAGATC
				AAA
2097.	IGF1R12HLxl2CH L	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSNYPMYWVRQAPGKGLEWVSRIS
				SSGGRTVYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDRWSRS
				AAEYGLGGYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPDSLAVSLGE
				RATINCKSSQSVLYSSNNKNYLAWYQQKPGQPPKLLIYLASTRESGVPDRFSG
				SGSGTDFTLTISSLQAEDVAVYYCQQYYSTWTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQL
				VESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKY
				NNYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGN
				SYISYWAYWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGT
				VTLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLL
				GGKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2098.	IGF1R12HLxl2CH L	인공	nt	GAAGTCCAGCTCCTTGAAAGCGGTGGCGGATTGGTCCAGCCTGGAGGCTC
				TTTGAGACTCTCCTGTGCCGCATCAGGCTTCACCTTTTCCAACTATCCTA
				TGTACTGGGTTCGCCAGGCTCCTGGAAAAGGCTTGGAATGGGTGTCACGG
				ATTAGCTCTAGCGGGGGAAGGACTGTCTATGCCGATTCCGTGAAAGGGAG
				ATTCACCATCTCTCGGGACAATAGCAAGAACACCCTGTATCTCCAGATGA
				ACTCTCTTCGTGCCGAAGACACTGCCGTGTATTACTGCGCACGAGACCGA

[1731]

				TGGAGCCGATCAGCAGCTGAATACGGCTTGGGAGGCTACTGGGGTCAGGG
				AACTCTTGTGACTGTCTCTAGCGGAGGCGGTGGAAGCGGGGGAGGCGGAT
				CTGGTGGAGGCGGAAGCGATATCCAGATGACTCAGAGCCCTGATTCACTG
				GCAGTGTCTCTGGAGAACGTGCCACAATCAACTGCAAGAGTAGCCAGTC
				CGTCCTTTACTCCTCCAACAACAAAAACTACCTCGCATGGTACCAGCAGA
				AACCTGGGCAGCCACCCAAACTTCTCATCTATCTTGCTTCCACACGTGAG
				AGTGGCGTGCCTGACCGTTTTAGCGGATCCGGTAGCGGAACAGATTTCAC
				TCTCACAATCTCAAGCCTGCAGGCTGAAGATGTCGCAGTCTACTATTGCC
				AGCAGTATTACTCAACCTGGACATTCGGACAGGGGACAAAAGTGGAGATC
				AAATCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGG
				ATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGAT
				TCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAG
				GGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAA
				CATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGAT
				TCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAGACTGAGGACAC
				TGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATAT
				CCTACTGGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGT
				GGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGT
				TGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACAC
				TCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAAC
				TGGGTCCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGAC
				TAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTG
				GAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGG
2099.	IGF1R13-H	인공	aa	AACCAAACTGACTGTCCTA
				EVQLVQSGAEVKKPGESLTISCKGPGYNFFNYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIY
				PTDSDTRYSPSFQGQVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARSIRYCPGG
				RCYSGYYGMDVWGQGTMVTVSS
2100.	IGF1R13-HCDR1	인공	aa	NYWIG
2101.	IGF1R13-HCDR2	인공	aa	IIYPTDSDTRYSPSFQG
2102.	IGF1R13-HCDR3	인공	aa	SIRYCPGGRCYSGYYGMDV
2103.	IGF1R13-H	인공	nt	GAAGTCCAGTTGGTGCAGAGTGGTGCCGAAGTCAAAAAGCCTGGCGAGAG

[1732]

				CCTGACCATCTCATGTAAGGGTCCTGGCTACAACTTCTTCAACTACTGGA
				TCGGATGGGTGCGACAGATGCCTGGAAAAGGGCTCGAATGGATGGGCATT
				ATCTATCCCACCGACTCCGACACACGGTATTCCCCATCATTTCAGGGACA
				GGTCACCATCTCCGTTGACAAGAGCATCTCCACCGCTTATCTCCAGTGGA
				GTTCCCTGAAAGCCTCCGACACCGCAATGTATTACTGCGCACGTAGTATC
				CGTTACTGCCCAGGAGGCAGATGCTATAGCGGATATTTACGGCATGGACGT
2104.	IGF1R13-L	인공	aa	TTGGGGACAGGGAACAATGGTGACTGTGAGCTCA
				SSELTQDPAVSVALGQTVRITCQGDSLRSYYASWYQQKPGQAPVLVIYGKNNR
				PSGIPDRFSGSSSGNTASLTITGAQAEDEADYYCNSRDSSGNHVVFGGGTKLT
				VL
2105.	IGF1R13-LCDR1	인공	aa	QGDSLRSYYAS
2106.	IGF1R13-LCDR2	인공	aa	GKNNRPS
2107.	IGF1R13-LCDR3	인공	aa	NSRDSSGNHVV
2108.	IGF1R13-L	인공	nt	TCAAGGGAACTGACTCAGGATCCAGCTGTTTCTGTGCCTTGGGACAGAC
				TGTGCGCATTACATGTCAGGGTGATAGCTTGCGTAGCTACTACGCTTCAT
				GGTACCAGCAGAAGCCTGGACAGGCACCTGTCCTGGTGATCTACGGCAAG
				AACAATAGGCCAAGCGGTATTCCCGATCGGTTTTCTGGATCCTCATCCGG
				CAATACTGCCTCTCTGACAATCACCGGTGCTCAGGCTGAAGATGAGGCTG
				ACTACTACTGCAACTCCCGAGATTCTAGCGGAAATCACGTGGTCTTCGGA
				GGTGGGACAAAACTTACCGTGCTC
2109.	IGF1R13-HL	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGESLTISCKGPGYNFFNYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIY
				PTDSDTRYSPSFQGQVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARSIRYCPGG
				RCYSGYYGMDVWGQGTMVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSSSELTQDPAVSVAL
				GQTVRITCQGDSLRSYYASWYQQKPGQAPVLVIYGKNNRPSGIPDRFSGSSSG
				NTASLTITGAQAEDEADYYCNSRDSSGNHVVFGGGTKLTVL
2110.	IGF1R13-HL	인공	nt	GAAGTCCAGTTGGTGCAGAGTGGTGCCGAAGTCAAAAAGCCTGGCGAGAG
				CCTGACCATCTCATGTAAGGGTCCTGGCTACAACTTCTTCAACTACTGGA
				TCGGATGGGTGCGACAGATGCCTGGAAAAGGGCTCGAATGGATGGGCATT
				ATCTATCCCACCGACTCCGACACACGGTATTCCCCATCATTTCAGGGACA
				GGTCACCATCTCCGTTGACAAGAGCATCTCCACCGCTTATCTCCAGTGGA
				GTTCCCTGAAAGCCTCCGACACCGCAATGTATTACTGCGCACGTAGTATC
				CGTTACTGCCCAGGAGGCAGATGCTATAGCGGATATTTACGGCATGGACGT

[1733]

				TTGGGGACAGGGAACAATGGTGACTGTGAGCTCAGGAGGGGAGGCTCTG
				GTGGGGGAGGTTCTGGAGGTGGAGGCTCTTCAAGCGAACTGACTCAGGAT
				CCAGCTGTTTCTGTCGCCTTGGACAGACTGTGCGCATTACATGTCAGGG
				TGATAGCTTGCGTAGCTACTACGCTTCATGGTACCAGCAGAAGCCTGGAC
				AGGCACCTGTCCCTGGTGATCTACGGCAAGAACAATAGGCCAAGCGGTATT
				CCCGATCGGTTTTCTGGATCCTCATCCGGCAATACTGCCTCTCTGACAAT
				CACGGTGCTCAGGCTGAAGATGAGGCTGACTACTACTGCAACTCCCGAG
				ATTCTAGCGGAAATCACGTGGTCTTCGGAGGTGGGACAAAACTTACCGTG
				CTC
2111.	IGF1R13HLxI2CH L	인공	aa	EVQLVQSGAEVKKPGESLTISCKGPGYNFFNYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIY
				PTDSDTRYSPSFQGQVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARSIRYCPGG
				RCYSGYYGMDVWGQGTMVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSSSELTQDPAVSVAL
				GQTVRITCQGDSLRSYYASWYQQKPGQAPVLVIYGKNNRPSGIPDRFSGSSSG
				NTASLTITGAQAEDEADYYCNSRDSSGNHVVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQLV
				ESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN
				NYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNS
				YISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTV
				TLTCGSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLG
				GKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2112.	IGF1R13HLxI2CH L	인공	nt	GAAGTCCAGTTGGTGCAGAGTGGTGCCGAAGTCAAAAAGCCTGGCGAGAG
				CCTGACCATCTCATGTAAGGGTCCTGGCTACAACTTCTTCAACTACTGGA
				TCGGATGGGTGCGACAGATGCCCTGGAAAAGGGCTCGAATGGATGGGCATT
				ATCTATCCCACCGACTCCGACACACGGTATTCCCCATCATTTCAGGGACA
				GGTCACCATCTCCGTTGACAAGAGCATCTCCACCGCTTATCTCCAGTGGA
				GTTCCCTGAAAGCCTCCGACACCGCAATGTATTACTGCGCACGTAGTATC
				CGTTACTGCCCAGGAGGCAGATGCTATAGCGGATATTACGGCATGGACGT
				TTGGGGACAGGGAACAATGGTGACTGTGAGCTCAGGAGGGGAGGCTCTG
				GTGGGGGAGGTTCTGGAGGTGGAGGCTCTTCAAGCGAACTGACTCAGGAT
				CCAGCTGTTTCTGTCGCCTTGGGACAGACTGTGCGCATTACATGTCAGGG
				TGATAGCTTGCGTAGCTACTACGCTTCATGGTACCAGCAGAAGCCTGGAC
				AGGCACCTGTCCTGGTGATCTACGGCAAGAACAATAGGCCAAGCGGTATT
				CCCGATCGGTTTTCTGGATCCTCATCCGGCAATACTGCCTCTCTGACAAT

[1734]

				CACCGGTGCTCAGGCTGAAGATGAGGCTGACTACTACTGCAACTCCCGAG
				ATTCTAGCGGAAATCACGTGGTCTTCGGAGGTGGGACAAAACTTACCGTG
				CTCTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGG
				ATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGAT
				TCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAG
				GGTTTGGAATGGGTTGCTCGGCATAAGAAGTAAATATAAATAATTATGCAA
				CATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGAT
				TCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAGACTGAGGACAC
				TGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATAT
				CCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGT
				GGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGT
				TGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACAC
				TCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAAC
				TGGGTCCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGAC
				TAAGTTCCTGGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTG
				GAGGCAAGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA
				GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGG
				AACCAAACTGACTGTCCTA
2113.	IGF1R15-H	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAIS
				GSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASSPYSSR
				WYSFDPWGQGTMVTVSS
2114.	IGF1R15-HCDR1	인공	aa	SYAMS
2115.	IGF1R15-HCDR2	인공	aa	AISGSGGSTYYADSVKG
2116.	IGF1R15-HCDR3	인공	aa	SPYSSRWYSFDP
2117.	IGF1R15-H	인공	nt	GAGGTTCAGCTGCTCGAAAGCGGAGGCGGTTTGGTGCAGCCTGGGGGAAG
				CCTGAGACTTAGCTGTGCTGCAAGCGGATTCACCTTCTCCAGCTATGCCA
				TGAGCTGGGTGAGGCAGGCCCCTGGCAAAGGACTGGAGTGGGTGAGCGCT
				ATCTCAGGAAGCGGCGGTTCTACCTACTACGCCGATAGCGTCAAGGGGAG
				GTTCACCATCAGCCGTGACAACAGCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA
				ATAGCCTGCGTGCTGAGGACACTGCCGTTTACTACTGCGCAAGCTCCCCA
				TACTCCTCACGGTGGTATAGCTTCGATCCATGGGGACAGGGGACTATGGT
				GACCGTGAGTAGT

[1735]

2118.	IGF1R15-L	인공	aa	SYELTQPPSVSVSPGQTATITCSGDDLGNKYVSWYQQKPGQSPVLVIYQDTKR
				PSGIPERFSGSNSGNIATLTISGTQAVDEADYYCQVWDTGTVVFGGGTKLTVL
2119.	IGF1R15-LCDR1	인공	aa	SGDDLGNKYVS
2120.	IGF1R15-LCDR2	인공	aa	QDTKRPS
2121.	IGF1R15-LCDR3	인공	aa	QVWDTGTVV
2122.	IGF1R15-L	인공	nt	AGCTATGAACTGACACAGCCACCTAGCGTGAGCGTTAGCCCTGGACAGAC
				TGCCACAATCACCTGTAGTGGGGATGACCTTGGCAACAAGTACGTGAGCT
				GGTATCAGCAGAAGCCTGGCCAGTCTCCCGTGCTGGTGATCTACCAGGAC
				ACCAAACGACCTAGCGGAATCCCAGAGCGATTCAGCGGAAGCAACAGCGG
				GAACATCGCAACTCTCACCATTTCCGGCACTCAGGCCGTGGATGAAGCCG
				ACTACTATTGCCAGGGTGTGGGACACTGGAACCGTCGTGTTTGGGGAGGC
				ACAAAACTGACCGTCCTG
2123.	IGF1R15-HL	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAIS
				GSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASSPYSSR
				WYSFDPWGQGTMVTVSSGGGSGGGGSGGGGSGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTATI
				TCSGDDLGNKYVSWYQQKPGQSPVLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNIATLTI
				SGTQAVDEADYYCQVWDTGTVVFGGGTKLTVL
2124.	IGF1R15-HL	인공	nt	GAGGTTCAGCTGCTCGAAAGCGGAGGCGGTTTGGTGCAGCCTGGGGGAAG
				CCTGAGACTTAGCTGTGCTGCAAGCGGATTCACCTTCTCCAGCTATGCCA
				TGAGCTGGGTGAGGCAGGCCCCTGGCAAAGGACTGGAGTGGGTGAGCGCT
				ATCTCAGGAAGCGGCGGTTCTACCTACTACGCCGATAGCGTCAAGGGAG
				GTTCACCATCAGCCGTGACAAACAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA
				ATAGCCTGCGTGCTGAGGACACTGCCGTTTACTACTGCGCAAGCTCCCA
				TACTCCTCACGGTGGTATAGCTTCGATCCATGGGGACAGGGGACTATGGT
				GACCGTGAGTAGTGGCGGAGGGGAAGCGGAGGAGGCGGGAGCGGCGGAG
				GCGGAAGCAGCTATGAACTGACACAGCCACCTAGCGTGAGCGTTAGCCCT
				GGACAGACTGCCACAATCACCTGTAGTGGGATGACCTTGGCAACAAGTA
				CGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCTGGCCAGTCTCCCGTGCTGGTGATCT
				ACCAGGACACCAAACGACCTAGCGGAATCCCAGAGCGATTCAGCGGAAGC
				AACAGCGGGAACATCGCAACTCTCACCATTTCCGGCACTCAGGCCGTGGA
				TGAAGCCGACTACTATTGCCAGGTGTGGGACACTGGAACCGTCGTGTTTG
				GGGGAGGCACAAAACTGACCGTCCTG

[1736]

2125.	IGF1R15HLxI2CH L	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAIS GSGGSTYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCASSPYSSR WYSFDPWGQGTMVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSSYELTQPPSVSVSPGQTATI TCSGDDLGNKYVSWYQQKPGQSPVLVIYQDTKRPSGIPERFSGSNSGNIATLTI SGTQAVDEADYYCQVWDTGTVVFGGGTKLTVLSGGGGSEVQLVESGGGLVQ PGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL	
2126.	IGF1R15HLxI2CH L	인공	nt	GAGGTTCAGCTGCTCGAAAGCGGAGGCGGTTTGGTGCAGCCTGGGGGAAG CCTGAGACTTTAGCTGTGCTGCAAGCGGATTCACCTTCTCCAGCTATGCCA TGAGCTGGGTGAGGCAGGCCCCTGGCAAAGGACTGGAGTGGGTGAGCGCT ATCTCAGGAAGCGGCGGTTCTACCTACTACGCCGATAGCGTCAAGGGGAG GTTCACCATCAGCCGTGACAACAGCAAGAACACCCTGTACCTCCAGATGA ATAGCCTGCGTGCTGAGGACACTGCCGTTTACTACTGCGCAAGCTCCCA TACTCCTCACGGTGGTATAGCTTCGATCCATGGGGACAGGGGACTATGGT GACCGTGAGTAGTGGCGGAGGGGAAGCGGAGGAGGCGGGAGCGGCGAG GCGGAAGCAGCTATGAACTGACACAGCCACCTAGCGTGAGCGTTAGCCCT GGACAGACTGCCACAATCACCTGTAGTGGGGATGACCTTGGCAACAAGTA CGTGAGCTGGTATCAGCAGAAGCCTGGCCAGTCTCCCGTGCTGGTGATCT ACCAGGACACCAAACGGACCTAGCGGAATCCCAGAGCGATTCAGCGGAAGC AACAGCGGGAACATCGCAACTCTCACCATTTCCGGCACTCCAGGCCGTGGA TGAAGCCGACTACTATTGCCAGGTGTGGGACACTGGAACCGTCGTGTTTG GGGGAGGCACAAAACTGACCGTCCTGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTG CAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAA ACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGA AGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAG GTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGA ACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGG AACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAGGGAC	

[1737]

				TCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCG
				GTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTA
				TCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGCTGT
				TACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCAC
				CCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCC
				AGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGG
				GGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCA
				ACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2127.	IGF1R16-H	인공	aa	QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKQRPGQGLEWIGEI
				NPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDY
				YGSSKWYFDVWGAGTTVTVSS
2128.	IGF1R16-HCDR1	인공	aa	SYWMH
2129.	IGF1R16-HCDR2	인공	aa	EINPSNGRTNYNEKFKR
2130.	IGF1R16-HCDR3	인공	aa	GRPDYYGSSKWYFDV
2131.	IGF1R16-H	인공	nt	CAGGTTCAGCTGCAGCAGAGCGGAGCTGAGCTCGTTAAACCTGGTGCTTC
				CGTGAAACTGAGCTGCAAAGCCTCCGGCTATACCTTCACAAGCTACTGGA
				TGCACTGGGTCAAACAGCGTCCTGGTCAGGGTCTCGAATGGATTGGGAG
				ATCAACCCCTCCAACGGCCGCACCAATTACAATGAGAAGTTCAAGCGGAA
				GGCCACCCTTACCGTGGATAAGAGCTCATCTACCGCCTACATGCAGCTGT
				CTTCACTGACATCTGAGGACTCTGCGGTGTATTACTTTGCAAGAGGAGG
				CCTGACTACTACGGGTCATCCAAGTGGTACTTTGACGTCTGGGGAGCTGG
				GACTACCGTGACTGTGTCTAGC
2132.	IGF1R16-L	인공	aa	DVLMTQTPLSLPVSLGDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIY
				KVSNRFSGVPDRFSGSGSGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGT
				KLEIK
2133.	IGF1R16-LCDR1	인공	aa	RSSQSIVHSNVNTYLE
2134.	IGF1R16-LCDR2	인공	aa	KVSNRFS
2135.	IGF1R16-LCDR3	인공	aa	FQGSHVPPT
2136.	IGF1R16-L	인공	nt	GATGTCTTGATGACTCAGACTCCACTGTCACTTTCCTGTGTCACTGGGAGA
				TCAGGCATTCCATTAGCTGCAGGAGTAGCCAGAGCATCGTGCACTCCAACG
				TCAACACATACCTGGAGTGGTACCTGCAGAAACCTGGCCAGAGCCCAAAG
				CTGCTCATCTACAAGGTGAGCAATCGGTTTTCCGGCGTTCCCGATAGATT

[1738]

				CAGCGGAAGCGGAAGCGGTACAGACTTTACCCTGCGCATTTCTCGAGTGG
				AAGCCGAAGACCTGGGCATCTACTATTGCTTCCAGGGTTCTCATGTTCCC
				CCAACCTTCGGTGGCGGAACAAAACTCGAAATCAAG
2137.	IGF1R16-HL	인공	aa	QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKQRPGQGLEWIGEI
				NPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDY
				YGSSKWYFDVWGAGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDVLMTQTPLSLPVSL
				GDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSG
				SGSGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIK
2138.	IGF1R16-HL	인공	nt	CAGGTTCAGCTGCAGCAGAGCGGAGCTGAGCTCGTTAAACCTGGTGCTTC
				CGTGAAACTGAGCTGCAAAGCCTCCGGCTATACCTTCACAAGCTACTGGA
				TGCACTGGGTCAAACAGCGTCCTGGTCAGGGTCTCGAATGGATTGGGGAG
				ATCAACCCCTCCAACGGCGGCACCAATTACAATGAGAAGTTCAAGCGGAA
				GGCCACCCTTACCGTGGATAAGAGCTCATCTACCGCCTACATGCAGCTGT
				CTTCACTGACATCTGAGGACTCTGCGGTGTATTACTTTGCAAGAGGGAGG
				CCTGACTACTACGGGTCATCCAAGTGGTACTTTGACGTCTGGGGAGCTGG
				GACTACCGTGACTGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGGAGCGGAGGGGGAGGCT
				CCGGTGGCGGGGGATCTGATGTCTTGATGACTCAGACTCCACTGTCACTT
				CCTGTGTCACTGGGAGATCAGGCATCCATTAGCTGCAGGAGTAGCCAGAG
				CATCGTGCACTCCAACGTCAACACATACCTGGAGTGGTACCTGCAGAAAC
				CTGGCCAGAGCCCAAAGCTGCTCATCTACAAGGTGAGCAATCGGTTTTCC
				GGCGTTCCCGATAGATTCAGCGGAAGCGGAAGCGGTACAGACTTTACCCT
				GCGCATTTCTCGAGTGGAAGCCGAAGACCTGGGCATCTACTATTGCTTCC
				AGGGTTCTCATGTTCCCCCAACCTTCGGTGGCGGAACAAAACTCGAAATC
				AAG
2139.	IGF1R16HLxl2CH L	인공	aa	QVQLQQSGAELVKPGASVKLSCKASGYTFTSYWMHWVKQRPGQGLEWIGEI
				NPSNGRTNYNEKFKRKATLTVDKSSSTAYMQLSSLTSEDSAVYYFARGRPDY
				YGSSKWYFDVWGAGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDVLMTQTPLSLPVSL
				GDQASISCRSSQSIVHSNVNTYLEWYLQKPGQSPKLLIYKVSNRFSGVPDRFSG
				SGSGTDFTLRISRVEAEDLGIYYCFQGSHVPPTFGGGTKLEIKSGGGGSEVQLV
				ESGGGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYN
				NYATYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNS
				YISYWAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTV

[1739]

[1740]

				TLTGGSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLG
2140.	IGF1R16HLxI2CH L	인공	nt	GKAALTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL CAGGTTCAGCTGCAGCAGAGCGGAGCTGAGCTCGTTAAACCTGGTGCTTC CGTGAAACTGAGCTGCAAAGCCTCCGGCTATACCTTCACAAGCTACTGGA TGCACTGGGTCAAACAGCGTCCTGGTCAGGGTCTCGAATGGATTGGGGAG ATCAACCCCTCCAACGGCCGCACCAATTACAATGAGAAGTTCAAGCGGAA GGCCACCCTTACCGTGGATAAGAGCTCATCTACCGCCTACATGCAGCTGT CTTCACTGACATCTGAGGACTCTGCCGTGTATTACTTTGCAAGAGGGAGG CCTGACTACTACGGGTCATCCAAGTGGTACTTTGACGTCTGGGGAGCTGG GACTACCGTGACTGTGTCTAGCGGAGGCGGAGGGACCGGAGGGGGAGGCT CCGGTGGCGGGGGATCTGATGTCTTGATGACTCAGACTCCACTGTCACTT CCTGTGTCACTGGGAGATCAGGCATCCATTAGCTGCAGGAGTAGCCAGAG CATCGTGCACTCCAACGTCAACACATACCTGGAGTGGTACCTGCAGAAAC CTGGCCAGAGCCCAAAGCTGCTCATCTACAAGGTGAGCAATCGGTTTTCC GGCGTTCCCGATAGATTCAGCGGAAGCGGAAGCGGGTACAGACTTTACCCT GCGCATTTCTCGAGTGGAAGCCGAAGACCTGGGCATCTACTATTGCTTCC AGGGTTCTCATGTTCCCCCAACCTTCGGTGGCGGAACAAAACTCGAAATC AAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGG ATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGAT TCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAG GGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAA CATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGAT TCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAGACTGAGGACAC TGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATAT CCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGT GGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGT TGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACAC TCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAAC TGGGTCCAACAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGAC TAAGTTCCTGCCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTG GAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCA GAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGG

				AACCAAACTGACTGTCCTA
2141.	IGF1R17-H	인공	aa	QAQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSYISS
				SGSTRDYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRDGVETTF
				YYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
2142.	IGF1R17-HCDR1	인공	aa	DYYMS
2143.	IGF1R17-HCDR2	인공	aa	YISSSGSTRDYADSVKG
2144.	IGF1R17-HCDR3	인공	aa	DGVETTFYYYYGMDV
2145.	IGF1R17-H	인공	nt	CAGGCACAGCTGGTGGAAAGTGGCGGTGGCTTAGTTAAGCCTGGTGGATC
				CCTGCGACTTTCTTGTGCTGCCTCCGGCTTTACGTTTTTCCGACTACTACA
				TGTCCTGGATTAGACAAGCCCCTGGCAAGGGCTTGGAATGGGTGAGCTAC
				ATAAGCTCCTCGGGAAGCACTAGGGACTATGCCGATAGCGTTAAGGGGAG
				ATTCACGATAAGCAGGGATAACGCCAAGAACTCCCTGTATCTGCAGATGA
				ATAGTCTCCGTGCTGAGGACACTGCCGTGTACTATTGCGTGAGGGATGGC
				GTCGAAACAACCTTCTACTACTACTATGGCATGGACGTTTGGGGACA
				GGGAACAACTGTAACCGTGAGCTCA
2146.	IGF1R17-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTFTCRASQDIRRDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASR
				LQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPRTFGQGTEVEII
2147.	IGF1R17-LCDR1	인공	aa	RASQDIRRDLG
2148.	IGF1R17-LCDR2	인공	aa	AASRLQS
2149.	IGF1R17-LCDR3	인공	aa	LQHNNYPRT
2150.	IGF1R17-L	인공	nt	GATATCCAGATGACACAAAGCCCAAGCTCGCTGAGCGCTAGCGTAGCGA
				TCGAGTGACATTCACCTGTAGGGCTAGCCAGGATATTAGACGGGACCTAG
				GGTGGTACCAGCAGAAACCTGGCAAAGCTCCCAAACGCCTTATCTATGCG
				GCTTCACGGCTGCAATCGGGAGTCCCCTCTCGCTTTTCTGGAAGTGGGAG
				CGGAACCGAGTTTACATTGACGATTAGCTCCCTCCAACCTGAGGACTTTG
				CAACCTATTACTGCCTCCAGCACAATAACTATCCACGGACCTTCGGACAA
				GGGACCGAGGTCGAGATCATC
2151.	IGF1R17-HL	인공	aa	QAQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSYISS
				SGSTRDYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRDGVETTF
				YYYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVG
				DRVTFTCRASQDIRRDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASRLQSGVPSRFSGSGSGT
				EFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPRTFGQGTEVEII

[1741]

2152.	IGF1R17-HL	인공	nt	CAGGCACAGCTGGTGGAAAGTGGCGGTGGCTTAGTTAAGCCTGGTGGATC
				CCTGCGACTTTCTTGTGCTGCCTCCGGCTTTACGTTTTTCCGACTACTACA
				TGTCCTGGATTAGACAAGCCCCTGGCAAGGGCTTGGAATGGGTGAGCTAC
				ATAAGCTCCTCGGGAAGCACTAGGGACTATGCCGATAGCGTTAAGGGGAG
				ATTCACGATAAGCAGGGATAACGCCAAGAACTCCCCTGTATCTGCAGATGA
				ATAGTCTCCGTGCTGAGGACACTGCCGTGTACTATTGCGTGAGGGATGGC
				GTCGAAACAACCTTCTACTACTACTATGGCATGGACGTTTGGGGACA
				GGGAACAACTGTAACCGTGAGCTCAGGAGGTGGAGGTAGCGGAGGTGGAG
				GTAGTGGTGGAGGTGGCTCGGATATCCAGATGACACAAAGCCCAAGCTCG
				CTGAGCGCTAGCGTAGGCGATCGAGTGACATTCACCTGTAGGCTAGCCA
				GGATATTAGACGGGACCTAGGGTGGTACCAGCAGAAACCTGGCAAAGCTC
				CCAAACGCCTTATCTATGCGGCTTCACGGCTGCAATCGGGAGTCCCCTCT
				CGCTTTTCTGGAAGTGGGAGCGGAACCGAGTTTACATTGACGATTAGCTC
				CCTCCAACCTGAGGACTTTGCAACCTATTACTGCCTCCAGCACAATAACT
				ATCCACGGACCTTCGGACAAGGGACCGAGGTCGAGATCATC
2153.	IGF1R17HLxI2CHL	인공	aa	QAQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSYISS
				SGSTIRDYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRDGVETTF
				YYYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVG
				DRVTFTCRASQDIRRDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASRLQSGVPSRFSGSGSGT
				EFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNNYPRTFGQGTEVEIISGGGGSEVQLVESGGG
				LVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATY
				YADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWA
				YWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGS
				STGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALT
				LSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2154.	IGF1R17HLxI2CHL	인공	nt	CAGGCACAGCTGGTGGAAAGTGGCGGTGGCTTAGTTAAGCCTGGTGGATC
				CCTGCGACTTTCTTGTGCTGCCTCCGGCTTTACGTTTTTCCGACTACTACA
				TGTCCTGGATTAGACAAGCCCCTGGCAAGGGCTTGGAATGGGTGAGCTAC
				ATAAGCTCCTCGGGAAGCACTAGGGACTATGCCGATAGCGTTAAGGGGAG
				ATTCACGATAAGCAGGGATAACGCCAAGAACTCCCCTGTATCTGCAGATGA
				ATAGTCTCCGTGCTGAGGACACTGCCGTGTACTATTGCGTGAGGGATGGC
				GTCGAAACAACCTTCTACTACTACTATGGCATGGACGTTTGGGGACA

[1742]

				GGGAACAACTGTAACCGTGAGCTCAGGAGGTGGAGGTAGCGGAGGTGGAG
				GTAGTGGTGGAGGTGGCTCGGATATCCAGATGACACAAAGCCCAAGCTCG
				CTGAGCGCTAGCGTAGGCGATCGAGTGACATTCACCTGTAGGGCTAGCCA
				GGATATTAGACGGGGACCTAGGGTGGTACCAGCAGAAAACCTGGCAAAGCTC
				CCAAACGCCTTATCTATGCGGCTTCACGGCTGCAATCGGGAGTCCCCTCT
				CGCTTTTCTTGGAAGTGGGAGCGGAACCGAGTTTACATTGACGATTAGCTC
				CCTCCAACCTGAGGACTTTGCAACCTATTACTGCCTCCAGCACAATAACT
				ATCCACGGACCTTCGGACAAGGACCGAGGTCGAGATCATCTCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCC
				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACT
				GTCCTA
2155.	IGF1R19-H	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAIS
				GSGGITYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDLGYGD
				FYYYYGMDVWGQGTTVTVSS
2156.	IGF1R19-HCDR1	인공	aa	SYAMS
2157.	IGF1R19-HCDR2	인공	aa	AISGSGGITYYADSVKG
2158.	IGF1R19-HCDR3	인공	aa	DLGYGDFYYYYGMDV
2159.	IGF1R19-H	인공	nt	GAGGTTCAGCTGCTTGAATCTGGCGGAGGTTTGGTTCAGCCTGGGGGTTC
				ACTTCGTCTGAGCTGTGCTGCCAGCGGGTTTACATTCTCCTCATATGCCA

[1743]

				TGTCCTGGGTGCGACAGGCACCAGGCAAAGGCTTGGAATGGGTGTCCGCT
				ATTAGCGGAAGCGGAGGCATCACATACTACGCTGATAGGTCAAGGGGAG
				ATTCACCATCTCACGGGACAATTCCAAGAACACCCTGTATCTCCAGATGA
				ACTCCCTGCGTGCCGAAGATACTGCCGTGTACTATTGCGCCAAGGATCTT
				GGCTACGGGGACTTCTACTACTACTATGGGATGGACGTGTGGGGACA
2160.	IGF1R19-L	인공	aa	GGGAACAACCGTGACTGTGAGCTCT
				DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRSDLGWFQQKPGKAPKRLIYAASKL
2161.	IGF1R19-LCDR1	인공	aa	HRGVPSRFSGSGSGTEFTLTISRLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIK
2162.	IGF1R19-LCDR2	인공	aa	RASQGIRSDLG
2163.	IGF1R19-LCDR3	인공	aa	AASKLHR
2164.	IGF1R19-L	인공	nt	LQHNSYPLT
				GACATTCAGATGACTCAGAGCCCAAGCTCTCTGTCTGCTTCTGTGGAGA
				CCGGGTTACCATCACCTGTAGAGCAAGCCAGGGCATTCGATCCGATCTCG
				GATGGTTTCAGCAGAAACCTGGCAAGGCACCCAAACGGCTGATCTATGCT
				GCCAGCAAACTGCATAGGGGAGTGCCCTCACGCTTTAGCGGATCTGGTAG
				TGGTACCGAGTTCACACTGACAATCTCACGGCTGCAGCCTGAGGATTTCG
				CCACCTATTACTGCCTCCAGCACAATTCCTACCCACTGACCTTTGGCGGT
				GGGACTAAGGTCGAGATCAAG
2165.	IGF1R19-HL	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAIS
				GSGGITYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDLGYGD
				FYYYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASV
				GDRVTITCRASQGIRSDLGWFQQKPGKAPKRLIYAASKLHRGVPSRFSGSGSG
				TEFTLTISRLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIK
2166.	IGF1R19-HL	인공	nt	GAGGTTCAGCTGCTTGAATCTGGCGGAGGTTTGGTTCAGCCTGGGGGTTC
				ACTTCGTCTGAGCTGTGCTGCCAGCGGGTTTACATTCTCCTCATATGCCA
				TGTCCTGGGTGCGACAGGCACCAGGCAAAGGCTTGGAATGGGTGTCCGCT
				ATTAGCGGAAGCGGAGGCATCACATACTACGCTGATAGCGTCAAGGGGAG
				ATTCACCATCTCACGGGACAATTCCAAGAACACCCTGTATCTCCAGATGA
				ACTCCCTGCGTGCCGAAGATACTGCCGTGTACTATTGCGCCAAGGATCTT
				GGCTACGGGGACTTCTACTACTACTATGGGATGGACGTGTGGGGACA
				GGGAACAACCGTGACTGTGAGCTCT
				GAAGCGGAGGGGGAGGGAGCGACATTCAGATGACTCAGAGCCCAAGCTCT

[1744]

				CTGTCTGCTTCTGTGGGAGACCGCGTTACCATCACCTGTAGAGCAAGCCA
				GGGCATTCGATCCGATCTCGGATGGTTTCAGCAGAAACCTGGCAAGGCAC
				CCAAACGGCTGATCTATGCTGCCAGCAAACTGCATAGGGGAGTGCCCTCA
				CGCTTTAGCGGATCTGGTAGTGGTACCGAGTTCACACTGACAATCTCACG
				GCTGCAGCCTGAGGATTTCGCCACCTATTACTGCCTCCAGCACAATTCCT
				ACCCACTGACCTTTGGCGGTGGGACTAAGGTCGAGATCAAG
2167.	IGF1R19HLxI2CH L	인공	aa	EVQLLESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAIS
				GSGGITYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAKDLGYGD
				FYYYYGMDVWGQGTTVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASV
				GDRVTITCRASQGIRSDLGWFQQKPGKAPKRLIYAASKLHRGVPSRFSGSGSG
				TEFTLTISRLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIKSGGGSEVQLVESG
				GGLVQPGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYA
				TYYADSVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISY
				WAYWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTC
				GSSTGAVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAA
				LTLSGVQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2168.	IGF1R19HLxI2CH L	인공	nt	GAGGTTCAGCTGCTTGAATCTGGCGGAGGTTTGGTTCAGCCTGGGGGTTC
				ACTTCGTCTGAGCTGTGCTGCCAGCGGGTTTACATTCTCCTCATATGCCA
				TGTCCTGGGTGCCGACAGGCACCAGGCAAAGGCTTGGAATGGGTGTCCGCT
				ATTAGCGGAAGCGGAGGCATCACATACTACGCTGATAGCGTCAAGGGAG
				ATTCACCATCTCACGGGACAATTCCAAGAACACCCTGTATCTCCAGATGA
				ACTCCCTGCGTGCCGAAGATACTGCCGTGTACTATTGCGCCAAGGATCTT
				GGCTACGGGGACTTTCTACTACTACTATGGGATGGACGTGTGGGGACA
				GGGAACAACCGTGACTGTGAGCTCTGGTGGCGGAGGATCTGGCGGAGGTG
				GAAGCGGAGGGGGAGGGAGCGACATTCAGATGACTCAGAGCCCAAGCTCT
				CTGTCTGCTTTCTGTGGGAGACCGCGTTACCATCACCTGTAGAGCAAGCCA
				GGGCATTCGATCCGATCTCGGATGGTTTCAGCAGAAACCTGGCAAGGCAC
				CCAAACGGCTGATCTATGCTGCCAGCAAACTGCATAGGGGAGTGCCCTCA
				CGCTTTAGCGGATCTGGTAGTGGTACCGAGTTCACACTGACAATCTCACG
				GCTGCAGCCTGAGGATTTCGCCACCTATTACTGCCTCCAGCACAATTCCT
				ACCCACTGACCTTTGGCGGTGGGACTAAGGTCGAGATCAAGTCCGGAGGT
				GGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTTGCAGCC

[1745]

				TGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATA
				AGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGG
				GTTGCTCGGCATAAGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGA
				TTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTG
				CCTATCTACAAATGAACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTAC
				TGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTA
				CTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTG
				GCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAA
				CCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTC
				CTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAA
				AACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCC
				CCGGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGC
				CCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTG
				TTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAAACCAAACTGACT
2169.	IGF1R20-H	인공	aa	GTCCTA
				QIQLVQSGPELKKPGETVKISCKASGYNLANYGLNWVKQAPGEGLKWMGWIN
				TNTGAPTYAEEFKGRFVFFLETSASTAYLQINNLSDEDTATYFCARSIYYAS
				RYFNVWGAGTSVTVSS
2170.	IGF1R20-HCDR1	인공	aa	KASGYNLANYGLN
2171.	IGF1R20-HCDR2	인공	aa	WINTNTGAPTYAEEFKG
2172.	IGF1R20-HCDR3	인공	aa	SIYYASRYFNV
2173.	IGF1R20-H	인공	nt	CAGATCCAGCTGGTGCAGAGCGGACCTGAGCTTAAGAAGCCTGGCGAGAC
				CGTCAAGATCTCATGCAAAGCTAGCGGATACAACCTGGCCAACTATGCC
				TCAACTGGGTGAAACAGGCCCCTGGAGAGGGCCTGAAGTGGATGGGATGG
				ATCAACACCAATACTGGCGCCCCAACATACGCAGAGGAATTTAAGGGAG
				GTTCGTGTTCTTCCTGGAAACCTCCGCTAGTACTGCCTACCTGCAGATCA
				ACAACCTCTCCGATGAAGATACCGCCACCTACTTTTGTGCCCGCTCTATC
				TACTACTAGGCATCCAGGTACTTCAATGTCTGGGGAGCCGGAACCTCGT
				GACTGTTAGCTCT
2174.	IGF1R20-L	인공	aa	DIQMTQTTSSLSASLGDKVTISCRASQDISNYLNWYQQKPDGTIKLLIYYTSRL
				HSGIPSRFSGSGSGTDYSLTISNLEQEDIATYFCQQGNTLPWTFGGGTKVEIK
2175.	IGF1R20-LCDR1	인공	aa	RASQDISNYLN

[1746]

2176.	IGF1R20-LCDR2	인공	aa	YTSRLHS	
2177.	IGF1R20-LCDR3	인공	aa	QQGNTLPWT	
2178.	IGF1R20-L	인공	nt	GATATCCAGATGACACAGACTACATCTTCCCTCTCCGCCTTCACTTGGCGA	
				CAAAGTCACCATTTCATGCCGTGCAAGCCAGGACATCAGCAACTACCTCA	
				ATTGGTACCAGCAGAAACCCGAGGGACAATCAAGCTGCCTGATCTACTAC	
				ACAAGCCGACTGCACAGCGGGATTCCATCAAGATTCAGCGGAAGCGGAAG	
				TGGGACCGATTACAGCTTGACAATCAGCAATCTGGAGCAGGAGGACATCG	
				CTACTTACTTTTGCCAGCAGGGAATACCTTGCCATGGACATTTGGGGGC	
				GGTACCAAAGTGGAAATCAAG	
2179.	IGF1R20-HL	인공	aa	QIQLVQSGPELKKPGETVKISCKASGYNLANYGLNWVKQAPGEGLKWMGWIN	
				TNTGAPTYAEEFKGRFVFFLETSASTAYLQINNLSDEDTATYFCARSIYYAS	
				RYFNVWGAGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQTTSSLSASLGDKVTI	
				SCRASQDISNYLNWYQQKPDGTIKLLIYYTSRLHSGIPSRFSGSGSGTDYSLTIS	
				NLEQEDIATYFCQQGNTLPWTFGGGTKVEIK	
2180.	IGF1R20-HL	인공	nt	CAGATCCAGCTGGTGCAGAGCGGACCTGAGCTTAAGAAGCCTGGCGAGAC	
				CGTCAAGATCTCATGCAAAGCTAGCGGATACAACCTGGCCAACTATGGCC	
				TCAACTGGGTGAAACAGGCCCCTGGAGAGGGCCTGAAGTGGATGGGATGG	
				ATCAACACCAATACTGGCGCCCCCAACATACGCAGAGGAATTTAAGGGAG	
				GTTCGTGTTCTTCCTGGAAACCTCCGCTAGTACTGCCTACCTGCAGATCA	
				ACAACCTCTCCGATGAAGATACCGCCACCTACTTTTGTGCCCGCTCTATC	
				TACTACTACGCATCCAGGTACTTCAATGTCTGGGGAGCCCGGAACCTCCGT	
				GACTGTTAGCTCTGGAGGAGGCGGTGGCGGTGGAAGTGGCGGAG	
				GTGGCTCTGATATCCAGATGACACAGACTACATCTTCCCTCTCCGCTTCA	
				CTTGGCGACAAAGTCACCATTTCATGCCGTGCAAGCCAGGACATCAGCAA	
				CTACCTCAATTGGTACCAGCAGAAACCCGACGGGACAATCAAGCTGCTGA	
				TCTACTACACAAGCCGACTGCACAGCGGGATTCCATCAAGATTCAGCGGA	
				AGCGGAAGTGGGACCGATTACAGCTTGACAATCAGCAATCTGGAGCAGGA	
				GGACATCGCTACTTACTTTTGCCAGCAGGGAATACCTTGCCATGGACAT	
				TTGGGGGCGGTACCAAAGTGGAAATCAAG	
2181.	IGF1R20HLxI2CH L	인공	aa	QIQLVQSGPELKKPGETVKISCKASGYNLANYGLNWVKQAPGEGLKWMGWIN	
				TNTGAPTYAEEFKGRFVFFLETSASTAYLQINNLSDEDTATYFCARSIYYAS	
				RYFNVWGAGTSVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQTTSSLSASLGDKVTI	

[1747]

[1748]

				SCRASQDISNYLNWYQQKPDGTIKLLIYYTSRLHSGIPSRFSGSGSGTDYSLTIS
				NLEQEDIATYFCQQGNTLPWTFGGGTKVEIKSGGGSEVQLVESGGGLVQPG
				GSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSV
				KDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQ
				GTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGA
				VTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGV
				QPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2182.	IGF1R20HLxI2CH L	인공	nt	CAGATCCAGCTGGTGCAGAGCGGACCTGAGCTTAAGAAGCCTGGCGAGAC
				CGTCAAGATCTCATGCAAAGCTAGCGGATACAACCTGGCCAACTATGGCC
				TCAACTGGGTGAAACAGGCCCCTGGAGAGGCCTGAAGTGGATGGGATGG
				ATCAACACCAATACTGGCGCCCCAACATACGCAGAGGAATTTAAGGGCAG
				GTTCGTGTTCTTCCTGGAAACCTCCGCTAGTACTGCCTACCTGCAGATCA
				ACAACCTCTCCGATGAAGATACCGCCACCTACTTTTGTGCCCGCTCTATC
				TACTACTACGCATCCAGGTACTTCAATGTCTGGGGAGCCGGAACCTCCGT
				GACTGTTAGCTCTGGAGGAGGCGGTAGCGGTGGCGGTGGAAGTGGCGGAG
				GTGGCTCTGATATCCAGATGACACAGACTACATCTTCCCTCTCCGCTTCA
				CTTGGCGACAAAGTCACCATTTCATGCCGTGCAAGCCAGGACATCAGCAA
				CTACCTCAATTGGTACCAGCAGAAACCCGACGGACAATCAAGCTGCTGA
				TCTACTACACAAGCCGACTGCACAGCGGGATTCCATCAAGATTCAGCGGA
				AGCGGAAGTGGGACCGATTACAGCTTGACAATCAGCAATCTGGAGCAGGA
				GGACATCGCTACTTACTTTTGCCAGCAGGGGAATACCTTGCCATGGACAT
				TTGGGGGCGGTACCAAAGTGGAAATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAG
				GTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGA
				ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATA
				AGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAA
				ATGAACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACA
				TGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAG
				GGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGC
				TCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGG

				CTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAG
				GCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCC
				TGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCT
				CAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTAC
				AGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2183.	IGF1R21-H	인공	aa	QIQLVQSGPELKKPGETVKISCKASGYTLANYGMNWVKQAPGKGFKWMGWI
				NTNTGKPTYSDEFKGRFVFSLETSASTAYLLINNLSNEDTATYFCARSIYYG
				SRYFNVWGAGTTVTVSS
2184.	IGF1R21-HCDR1	인공	aa	KASGYTLANYGMN
2185.	IGF1R21-HCDR2	인공	aa	WINTNTGKPTYSDEFKG
2186.	IGF1R21-HCDR3	인공	aa	SIYYYGSRYFNV
2187.	IGF1R21-H	인공	nt	CAGATCCAGCTTGTCCAGAGTGGTCCCGAGCTGAAGAAACCTGGCGAAAC
				CGTGAAAATCAGCTGCAAGGCAAGCGGCTATACACTGGCCAACTATGGCA
				TGAATTGGGTGAAGCAGGCACCTGGAAGGGTTTCAAGTGGATGGGCTGG
				ATCAACACCAACACTGGCAAACCAACCTATTCCGACGAGTTCAAGGGGCG
				TTTCGTGTTTTCACTGGAAACCTCCGCATCAACCGCTTACCTCTTGATCA
				ACAACCTGAGCAACGAGGACACCGCCACATACTTCTGCGCTAGGAGCATC
				TACTACTATGGGAGCCGCTACTTCAATGTGTGGGGAGCTGGGACAACTGT
				TACTGTGAGCTCA
2188.	IGF1R21-L	인공	aa	DIQMTQSTSSLSASLGDRVTISCRASQDINNYLTWYQQKPDGTVKLLIYYTSRL
				HSGVPSRFSGSGSGTDYSLTITNLEQEDFATYFCQQGNTLPWTFGEGTKVEIK
2189.	IGF1R21-LCDR1	인공	aa	RASQDINNYLT
2190.	IGF1R21-LCDR2	인공	aa	YTSRLHS
2191.	IGF1R21-LCDR3	인공	aa	QQGNTLPWT
2192.	IGF1R21-L	인공	nt	GATATCCAGATGACACAGAGCACAAGTTCATTGTCCGCCTCTCTTGGCGA
				TCGAGTGACCATTAGCTGCCGAGCAAGCCAGGACATTAACAACTACCTGA
				CCTGGTATCAGCAGAAACCCGACGGGACTGTGAAGCTGCTGATCTATTAC
				ACCTCTAGACTGCACAGTGGCGTTCCTAGCCGGTTTAGCGGATCCGGTAG
				CGGAACAGATTACTCCCTGACCATCACCAATCTCGAGCAGGAAGACTTTG
				CCACCTACTTTTGCCAGCAGGGCAATACTCTCCCATGGACATTTGGTGAG
				GGGACCAAAGTCGAGATTAAG
2193.	IGF1R21-HL	인공	aa	QIQLVQSGPELKKPGETVKISCKASGYTLANYGMNWVKQAPGKGFKWMGWI

[1749]

				NTNTGKPTYSDEFKGRFVFSLETSASTAYLLINNLSNEDTATYFCARSIYYG
				SRYFNVWGAGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSTSSLSASLGDRVT
				ISCRASQDINNYLTWYQQKPDGTVKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT
				ITNLEQEDFATYFCQQGNTLPWTFGEGTKVEIK
2194.	IGF1R21-HL	인공	nt	CAGATCCAGCTTGTCCAGAGTGGTCCCGAGCTGAAGAAACCTGGCGAAAC
				CGTGAAAATCAGCTGCAAGGCAAGCGGCTATACACTGGCCAACTATGGCA
				TGAATTGGGTGAAGCAGGCACCTGGAAGGGTTTCAAGTGGATGGGCTGG
				ATCAACACCAACACTGGCAAACCAACCTATTCCGACGAGTTCAAGGGCG
				TTTCGTGTTTTCACTGGAAACCTCCGCATCAACCGCTTACCTCTTGATCA
				ACAACCTGAGCAACGAGGACACCGCCACATACTTCTGCGCTAGGAGCATC
				TACTACTATGGGAGCCGCTACTTCAATGTGTGGGGAGCTGGGACAACTGT
				TACTGTGAGCTCAGGAGGGGGAGGTAGCGGAGGAGGCGGTAGCGGAGGCG
				GTGGATCCGATATCCAGATGACACAGAGCACAAGTTCATTGTCCGCCTCT
				CTTGGCGATCGAGTGACCATTAGCTGCCGAGCAAGCCAGGACATTAACAA
				CTACCTGACCTGGTATCAGCAGAAACCCGACGGACTGTGAAGCTGCTGA
				TCTATTACACCTCTAGACTGCACAGTGGCGTTCCTAGCCGGTTTAGCGGA
				TCCGGTAGCGGAACAGATTACTCCCTGACCATCACCAATCTCGAGCAGGA
				AGACTTTGCCACCTACTTTTGCCAGCAGGGCAATACTCTCCCATGGACAT
				TTGGTGAGGGGACCAAAGTCGAGATTAAG
2195.	IGF1R21HLxI2CH L	인공	aa	QIQLVQSGPELKKPGETVKISCKASGYTLANYGMNWVKQAPGKGFKWMGWI
				NTNTGKPTYSDEFKGRFVFSLETSASTAYLLINNLSNEDTATYFCARSIYYG
				SRYFNVWGAGTTVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSTSSLSASLGDRVT
				ISCRASQDINNYLTWYQQKPDGTVKLLIYYTSRLHSGVPSRFSGSGSGTDYSLT
				ITNLEQEDFATYFCQQGNTLPWTFGEGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQ
				PGGSLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYAD
				SVKDRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWG
				QGTLVTVSSGGGGSGGGGSGQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTG
				AVTSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSG
				VQPEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2196.	IGF1R21HLxI2CH L	인공	nt	CAGATCCAGCTTGTCCAGAGTGGTCCCGAGCTGAAGAAACCTGGCGAAAC
				CGTGAAAATCAGCTGCAAGGCAAGCGGCTATACACTGGCCAACTATGGCA
				TGAATTGGGTGAAGCAGGCACCTGGAAGGGTTTCAAGTGGATGGGCTGG

[1750]

				ATCAACACCAACACTGGCAAACCAACCTATTCCGACGAGTTCAAGGGCG
				TTTCGTGTTTTCACTGGAAACCTCCGCATCAACCGCTTACCTCTTGATCA
				ACAACCTGAGCAACGAGGACACCGCCACATACTCTTCTGCGCTAGGAGCATC
				TACTACTATGGGAGCCGCTACTTCAATGTGTGGGGAGCTGGGACAACTGT
				TACTGTGAGCTCAGGAGGGGGAGGAGGCGGTAGCGGAGGCG
				GTGGATCCGATATCCAGATGACACAGAGCACAAGTTCATTGTCCGCCTCT
				CTTGGCGATCGAGTGACCATTAGCTGCCGAGCAAGCCAGGACATTAACAA
				CTACCTGACCTGGTATCAGCAGAAACCCGACGGGACTGTGAAGCTGCTGA
				TCTATTACACCTCTAGACTGCACAGTGGCGTTCCTAGCCGGTTTAGCGGA
				TCCGGTAGCGGAACAGATTACTCCCTGACCATCACCAATCTCGAGCAGGA
				AGACTTTGCCACCTACTTTTGCCAGCAGGGCAATACTCTCCCATGGACAT
				TTGGTGAGGGGACCAAAGTCGAGATTAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAG
				GTGCAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATT
				GAAACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGA
				ACTGGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATA
				AGAAGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAG
				ACAGGTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAA
				ATGAACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACA
				TGGGAACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGCCAAG
				GGACTCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGC
				TCCGGTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCAC
				CGTATCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGG
				CTGTTACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAG
				GCACCCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCC
				TGCCAGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCT
				CAGGGGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTAC
				AGCAACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2197.	IGF1R23-H	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGYTFTRFWIHWVRQAPGKGLEWVGEIN
				PSNGRTNYNENFKNRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCARGGRLDQ
				WGQGTLVTVSS
2198.	IGF1R23-HCDR1	인공	aa	RFWIH
2199.	IGF1R23-HCDR2	인공	aa	EINPSNGRTNYNENFKN

[1751]

2200.	IGF1R23-HCDR3	인공	aa	GGRLDQ
2201.	IGF1R23-H	인공	nt	GAAGTCCAGCTTGTTGAAAGCGGAGGCGGTCTGGTTCAGCCTGGTGGATC TCTGAGACTGAGCTGCGCTGCAAGCGGCTACACATTCACACGCTTTTGGA TTCATTGGGTGAGGCAGGCCCCTGGAAAAGGACTCGAATGGGTGGGCGAG ATCAATCCTAGCAACGGTCGGACCAACTACAACGAGAACTTCAAGAACCG GTTCACCATCTCTGCCGACACCTCCAAGAATACCGCATACCTGCAGATGA ATAGCCTCCGAGCCGAGGACACTGCCGTCTATTACTGTGCTAGGGAGGA CGCCTTGATCAGTGGGGACAGGGGACACTTGTGACTGTGTCATCCGGTGG
2202.	IGF1R23-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKASQNLRSKVAWYQQKPGKAPKLLIYSASY RYSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYSNYPYTFGQGTKVEIK
2203.	IGF1R23-LCDR1	인공	aa	KASQNLRSKVA
2204.	IGF1R23-LCDR2	인공	aa	SASYRYS
2205.	IGF1R23-LCDR3	인공	aa	QQYSNYPYT
2206.	IGF1R23-L	인공	nt	GATATTCAGATGACCCAGAGCCCAAGCTCCTTGAGCGCTAGCGTTGGCGA TCGTGTGACTATCACCTGTAAGGCTAGCCAGAACCTGCGAAGCAAGGTCG CATGGTATCAGCAGAAACCCGGCAAAGCCCCAAGCTGCTGATCTACTCC GCATCCTATCGGTATTCCGGCGTGCCAAGCAGATTCAGTGGGAGTGGGAG CGGAACTGACTTTACCCTCACCATCTCATCCCTGCAGCCTGAGGACTTTG CCACCTACTATTGCCAGCAGTATTCCAACTACCCCTACACCTTTGGCCAG GGCACAAAAGTGGAGATCAAG
2207.	IGF1R23-HL	인공	aa	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGYTFTRFWIHWVRQAPGKGLEWVGEIN PSNGRTNYNENFKNRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCARGGRLDQ WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKAS QNLRSKVAWYQQKPGKAPKLLIYSASYRYSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQP EDFATYYCQQYSNYPYTFGQGTKVEIK
2208.	IGF1R23-HL	인공	nt	GAAGTCCAGCTTGTTGAAAGCGGAGGCGGTCTGGTTCAGCCTGGTGGATC TCTGAGACTGAGCTGCGCTGCAAGCGGCTACACATTCACACGCTTTTGGA TTCATTGGGTGAGGCAGGCCCCTGGAAAAGGACTCGAATGGGTGGGCGAG ATCAATCCTAGCAACGGTCGGACCAACTACAACGAGAACTTCAAGAACCG GTTCACCATCTCTGCCGACACCTCCAAGAATACCGCATACCTGCAGATGA ATAGCCTCCGAGCCGAGGACACTGCCGTCTATTACTGTGCTAGGGAGGA CGCCTTGATCAGTGGGGACAGGGGACACTTGTGACTGTGTCATCCGGTGG

[1752]

[1753]

				GGGAGGTAGTGGGGGAGGTGGAAGCGGCGGAGGAGGCAGCGATATTCAGA
				TGACCCAGAGCCCAAGCTCCTTGAGCGTTGGCGATCGTGTGACT
				ATCACCTGTAAGGCTAGCCAGAACCTGCGAAGCAAGGTCGCATGGTATCA
				GCAGAAACCCGGCAAAGCCCCAAAGCTGCTGATCTACTCCGCATCCTATC
				GGTATTCCGGCGTGCCAAGCAGATTCAGTGGGAGTGGGAGCGGAACTGAC
				TTTACCCTCACCATCTCATCCCTGCAGCCTGAGGACTTTGCCACCTACTA
				TTGCCAGCAGTATTCCAACTACCCCTACACCTTTGGCCAGGGCACAAAAG
2209.	IGF1R23HLxl2CH L	인공	aa	TGGAGATCAAG
				EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGYTFTRFWIHWVRQAPGKGLEWVGEIN
				PSNGRTNYNENFKNRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCARGGRLDQ
				WGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCKAS
				QNLRSKVAWYQQKPGKAPKLLIYSASYRYSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQP
				EDFATYYCQQYSNYPYTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGGSLK
				LSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVKDRF
				TISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQGTLV
				TVSSGGGGSGGGGSGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTSG
				NYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQPED
				EAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2210.	IGF1R23HLxl2GH L	인공	nt	GAAGTCCAGCTTGTTGAAAGCGGAGGCGGTCTGGTTCAGCCTGGTGGATC
				TCTGAGACTGAGCTGCGCTGCAAGCGGCTACACATTCACACGCTTTTGGA
				TTCATTGGGTGAGGCAGGCCCCTGGAAAAGGACTCGAATGGGTGGGCGAG
				ATCAATCCTAGCAACGGTCGGACCAACTACAACGAGAACTTCAAGAACCG
				GTTCACCATCTCTGCCGACACCTCCAAGAATACCGCATACCTGCAGATGA
				ATAGCCTCCGAGCCGAGGACACTGCCGTCTATTACTGTGCTAGGGGAGGA
				CGCCTTGATCAGTGGGGACAGGGGACACTTGTGACTGTGTCATCCGGTGG
				GGGAGGTAGTGGGGGAGGTGGAAGCGGCGGAGGAGGCAGCGATATTCAGA
				TGACCCAGAGCCCAAGCTCCTTGAGCGCTAGCGTTGGCGATCGTGTGACT
				ATCACCTGTAAGGCTAGCCAGAACCTGCGAAGCAAGGTCGCATGGTATCA
				GCAGAAACCCGGCAAAGCCCCAAAGCTGCTGATCTACTCCGCATCCTATC
				GGTATTCCGGCGTGCCAAGCAGATTCAGTGGGAGTGGGAGCGGAACTGAC
				TTTACCCTCACCATCTCATCCCTGCAGCCTGAGGACTTTGCCACCTACTA
				TTGCCAGCAGTATTCCAACTACCCCTACACCTTTGGCCAGGGCACAAAAG

				TGGAGATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTGCAGCTGGTCGAGTCT
				GGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAAACTCTCATGTGCAGC
				CTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACTGGGTCCGCCAGGCTC
				CAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGAAGTAAATATAATAA
				TTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAGGTTCACCATCTCCA
				GAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGAACAACTTGAAGACT
				GAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGGAACTTCGGTAATAG
				CTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACCGTCT
				CCTCAGGTGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCGGCTCCGGTGGTGGTGGTTCT
				CAGACTGTTGTTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTATCACCTGGTGGAAC
				AGTCACACTCACTTGTGGCTCCCTCGACTGGGGCTGTTACATCTGGCAACT
				ACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCACCCCGTGGTCTAATA
				GGTGGGACTAAGTTCCTGGCCCCGGTACTCCTGCCAGATTCTCAGGCTC
				CCTGCTTGGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGGGGTACAGCCAGAGG
				ATGAGGCAGAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCAACCGCTGGGTGTTC
				GGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2211.	IGF1R24-H	인공	aa	EVQLVESGGELVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSRISP
				SGGSTYYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCAREEYYYWG
				AMDVWGQGTLVTVSS
2212.	IGF1R24-HCDR1	인공	aa	SYAMS
2213.	IGF1R24-HCDR2	인공	aa	RISPSGGSTYYADSVKG
2214.	IGF1R24-HCDR3	인공	aa	EEYYYWGAMDV
2215.	IGF1R24-H	인공	nt	GAAGTTCAGCTGGTGGAATCCGGGGGAGAGCTTGTTCAGCCTGGCGGATC
				ACTTAGGCTGTCCTGTGCTGCAAGCGGCTTCACCTTCTCTAGCTATGCCA
				TGTCATGGGTGCCGACAGGCCCCTGGAAAAGGACTGGAGTGGGTCTCACGT
				ATCTCTCCAAGTGGCGGATCCACATACTACGCCGATAGCGTGAAAGGGAG
				GTTTACCATTTCCGCTGACACCTCCAAGAACACCGCCTACCTGCAGATGA
				ACTCACTGAGAGCCGAAGACACTGCCGTGTACTATTGCGCCACGGGAGGAG
				TACTACTATTGGGGAGCTATGGACGTGTGGGGACAGGGAACATTGGTGAC
				TGTGTCTTCC
2216.	IGF1R24-L	인공	aa	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQSISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSR
				ASGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQYYSSPLTFGQGTKVEIK

[1754]

2217.	IGF1R24-LCDR1	인공	aa	RASQSISSYLA
2218.	IGF1R24-LCDR2	인공	aa	GASSRAS
2219.	IGF1R24-LCDR3	인공	aa	QQYYSSPLT
2220.	IGF1R24-L	인공	nt	GATATCCAGATGACACAGAGCCCAAGCTCACTGAGCGCTAGCGTCGGAGA
				TAGAGTCACCATCACCTGTAGGGCAAGCCAGAGCATCTCTAGCTACCTGG
				CATGGTACCAGCAGAAACCTGGCAAGGCTCCCAAGCTCCTGATCTACGGC
				GCTTCATCTAGAGCTAGCGGCGTTCCCTCACGATTTAGCGGAAGCGGAAG
				CGGAACTGACTTCACCCTGACCATTTCAAGCCTCCAGCCTGAGGATTTCG
				CCACCTACTACTGCCAGCAGTACTACTCTAGCCCACTCACATTTGGGCAG
				GGGACAAAGGTGGAGATCAAG
2221.	IGF1R24-HL	인공	aa	EVQLVESGGELVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSRISP
				SGGSTYYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCAREEYYWG
				AMDVWGQGTLVTVSSGGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTIT
				CRASQSISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSRASGVPSRFSGSGSGTDFTLTIS
				SLQPEDFATYYCQQYYSSPLTFGQGTKVEIK
2222.	IGF1R24-HL	인공	nt	GAAGTTCAGCTGGTGGAATCCGGGGGAGAGCTTGTTCAGCCTGGCGGATC
				ACTTAGGCTGTCCTGTGCTGCAAGCGGCTTCACCTTCTCTAGCTATGCCA
				TGTCATGGGTGCGACAGGCCCCTGGAAAAGGACTGGAGTGGGTCTCACGT
				ATCTCTCCAAGTGGCGGATCCACATACTACGCCGATAGCGTGAAAGGAG
				GTTTACCATTTCCGCTGACACCTCCAAGAACACCGCCTACCTGCAGATGA
				ACTCACTGAGAGCCGAAGACACTGCCGTGTACTATTGCGCACGGGAGGAG
				TACTACTATTGGGGACAGGGAACACTTGGTGAC
				TGTGTCTTCCGGTGGCGGAGGAGGTGGCGGAAGCGGAGGCGGTG
				GAAGCGATATCCAGATGACACAGAGCCCAAGCTCACTGAGCGCTAGCGTC
				GGAGATAGAGTCACCATCACCTGTAGGGCAAGCCAGAGCATCTCTAGCTA
				CCTGGCATGGTACCAGCAGAAACCTGGCAAGGCTCCCAAGCTCCTGATCT
				ACGGCGCTTCATCTAGAGCTAGCGGCGTTCCCTCACGATTTAGCGGAAGC
				GGAAGCGGAACTGACTTCACCCTGACCATTTCAAGCCTCCAGCCTGAGGA
				TTTCGCCACCTACTACTGCCAGCAGTACTACTCTAGCCCACTCACATTTG
				GGCAGGGGACAAAGGTGGAGATCAAG
2223.	IGF1R24HLxI2CHL	인공	aa	EVQLVESGGELVQPGGSLRLSCAASGFTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSRISP
				SGGSTYYADSVKGRFTISADTSKNTAYLQMNSLRAEDTAVYYCAREEYYWG

[1755]

			AMDVWGQGTLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSDIQMTQSPSSLSASVGDRVTIT
			CRASQSISSYLAWYQQKPGKAPKLLIYGASSRASGVPSRFSGSGSGTDFTLTIS
			SLQPEDFATYYCQQYYSSPLTFGQGTKVEIKSGGGGSEVQLVESGGGLVQPGG
			SLKLSCAASGFTFNKYAMNWVRQAPGKGLEWVARIRSKYNNYATYYADSVK
			DRFTISRDDSKNTAYLQMNNLKTEDTAVYYCVRHGNFGNSYISYWAYWGQG
			TLVTVSSGGGSGGGGSGGGGSQTVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAV
			TSGNYPNWVQQKPGQAPRGLIGGTKFLAPGTPARFSGSLLGGKAALTLSGVQ
			PEDEAEYYCVLWYSNRWVFGGGTKLTVL
2224.	IGF1R24HLxl2CH L	인공	nt
			GAAGTTCAGCTGGTGGAATCCGGGGGAGAGCTTGTTCAGCCTGGCGGATC
			ACTTAGGCTGTCCTGTGCTGCAAGCGGCTTCACCTTCTCTAGCTATGCCA
			TGTCATGGGTGCGACAGGCCCCTGAAAAGGACTGGAGTGGGTCTCACGT
			ATCTCTCCAAGTGGCGGATCCACATACTACGCCGATAGCGTGAAAGGGAG
			GTTTACCATTTCCGCTGACACCTCCAAGAACACCGCCTACCTGCAGATGA
			ACTCACTGAGAGCCGAAGACACTGCCGTGTACTATTGCGCCACGGGAGGAG
			TACTACTATTGGGGACAGGGAACACTTGGTGAC
			TGTGTCTTCCGGTGGCGGAGGAAGCGGAGGCGGAGGCGGGTG
			GAAGCGATATCCAGATGACACAGAGCCCAAGCTCACTGAGCGGCTAGCGTC
			GGAGATAGAGTCACCATCACCTGTAGGGCAAGCCAGAGCATCTCTAGCTA
			CCTGGCATGGTACCAGCAGAAACCTGGCAAGGCTCCCAAGCTCCTGATCT
			ACGGCGCTTCATCTAGAGCTAGCGGCGTTCCCTCACGATTTAGCGGAAGC
			GGAAGCGGAACTGACTTCACCCTGACCATTTCAAGCCTCCAGCCTGAGGA
			TTTCGCCACCTACTACTGCCAGCAGTACTACTCTAGCCCACTCACATTTG
			GGCAGGGGACAAAGGTGGAGATCAAGTCCGGAGGTGGTGGATCCGAGGTG
			CAGCTGGTCGAGTCTGGAGGAGGATTGGTGCAGCCTGGAGGGTCATTGAA
			ACTCTCATGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTCAATAAGTACGCCATGAACT
			GGGTCCGCCAGGCTCCAGGAAAGGGTTTGGAATGGGTTGCTCGCATAAGA
			AGTAAATATAATAATTATGCAACATATTATGCCGATTCAGTGAAAGACAG
			GTTCACCATCTCCAGAGATGATTCAAAAAACACTGCCTATCTACAAATGA
			ACAACTTGAAGACTGAGGACACTGCCGTGTACTACTGTGTGAGACATGGG
			AACTTCGGTAATAGCTACATATCCTACTGGGCTTACTGGGGCCAAGGGAC
			TCTGGTCACCGTCTCCTCAGGTGGTGGTTCTGGCGGCGGCTCCG
			GTGGTGGTGGTTCTCAGACTGTTGTGACTCAGGAACCTTCACTCACCGTA

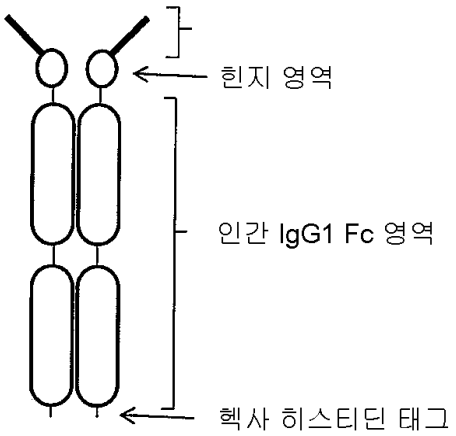
[1756]

[1757]

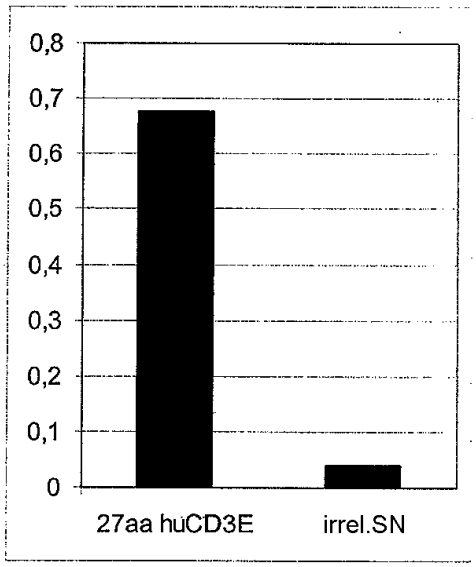
				TCACCTGGTGGAACAGTCACACTCACTTGTGGCTCCTCGACTGGGGCTGT TACATCTGGCAACTACCCAAACTGGGTCCAACAAAAACCAGGTCAGGCAC CCCGTGGTCTAATAGGTGGGACTAAGTTCCTCGCCCCCGGTACTCCTGCC AGATTCTCAGGCTCCCTGCTTGAGGCAAGGCTGCCCTCACCCTCTCAGG GGTACAGCCAGAGGATGAGGCAGAAATATTACTGTGTTCTATGGTACAGCA ACCGCTGGGTGTTCGGTGGAGGAACCAAACTGACTGTCCTA
2225.	마카카 파시쿨라리스 CD3 1-27	마카카 파시쿨라리스	aa	QDGNEEMGSITQTPYQVSISGTTILTC
2226.	마카카 파시쿨라리스 CD3 1-27	마카카 파시쿨라리스	aa	QDGNEEMGSITQTPYQVSISGTTVILT
2227.	마카카 물라타 CD3 1-27	마카카 물라타	aa	QDGNEEMGSITQTPYHVSISGTTVILT

도면

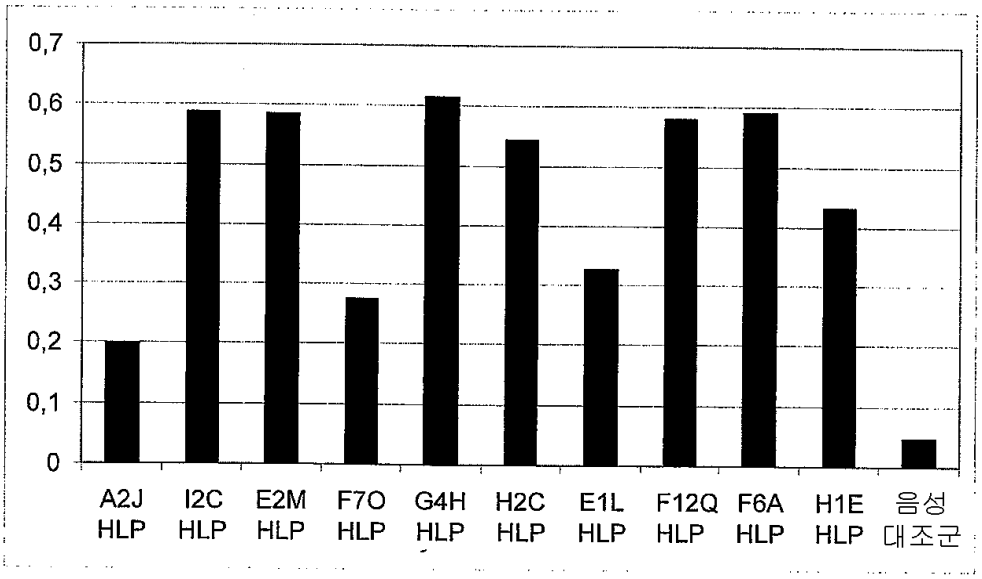
도면1


힌지 영역
인간 IgG1 Fc 영역
헥사 히스티딘 태그

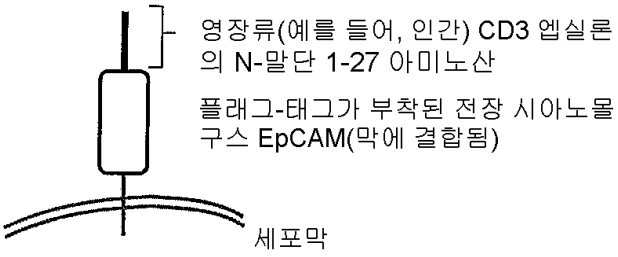
도면2


0,8
0,7
0,6
0,5
0,4
0,3
0,2
0,1
0
27aa huCD3E
irrel.SN

도면3

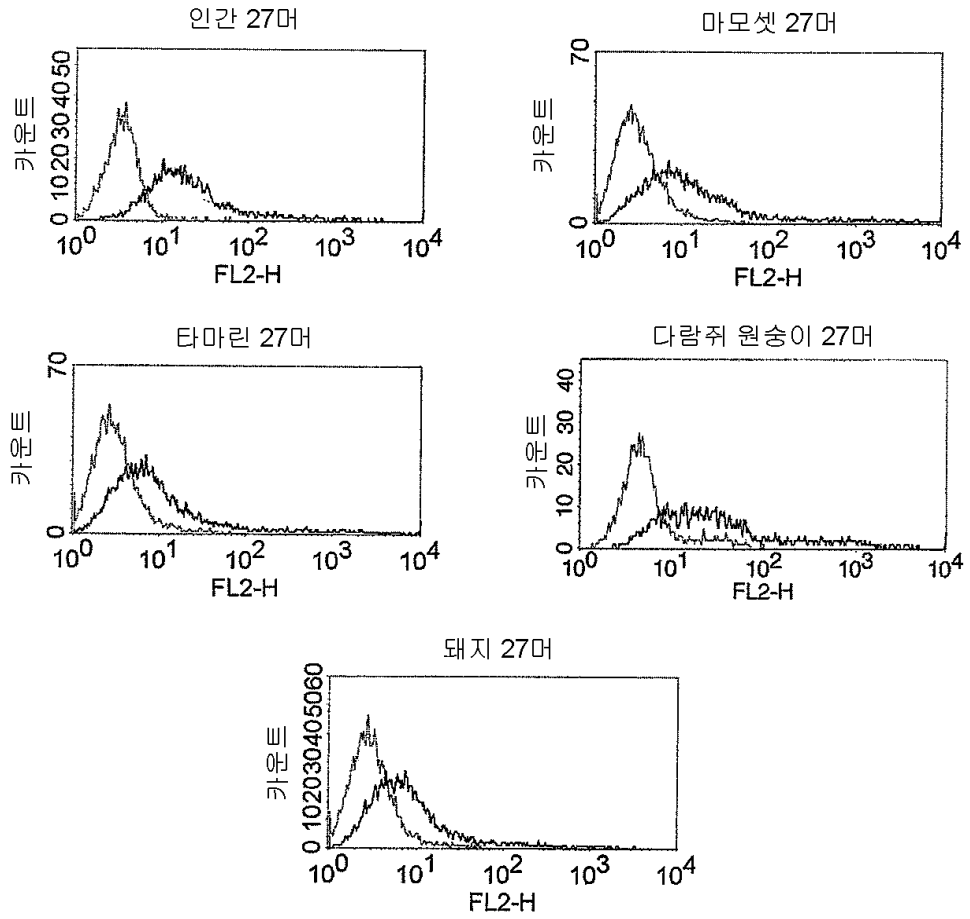


도면4

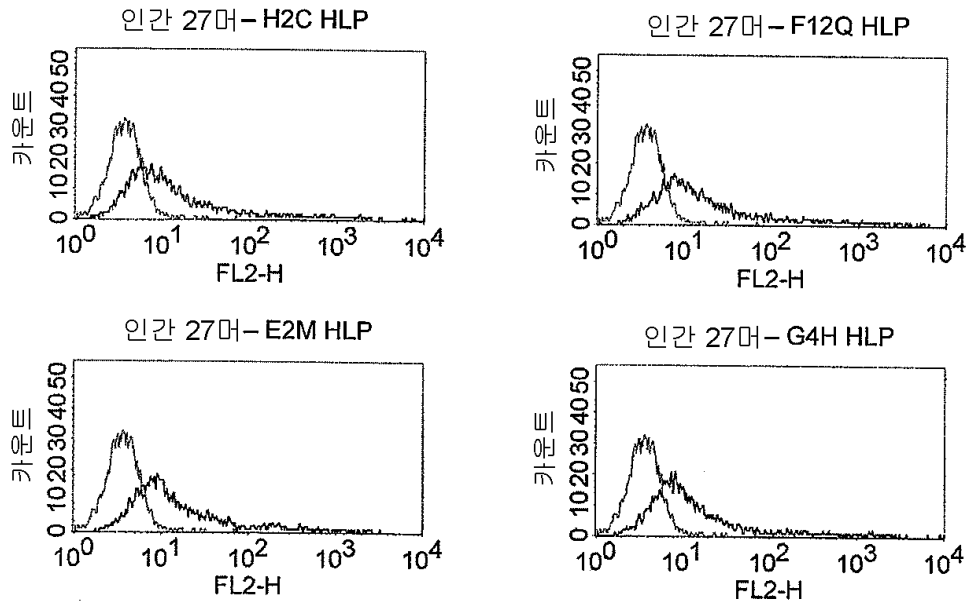


세포의 세포질

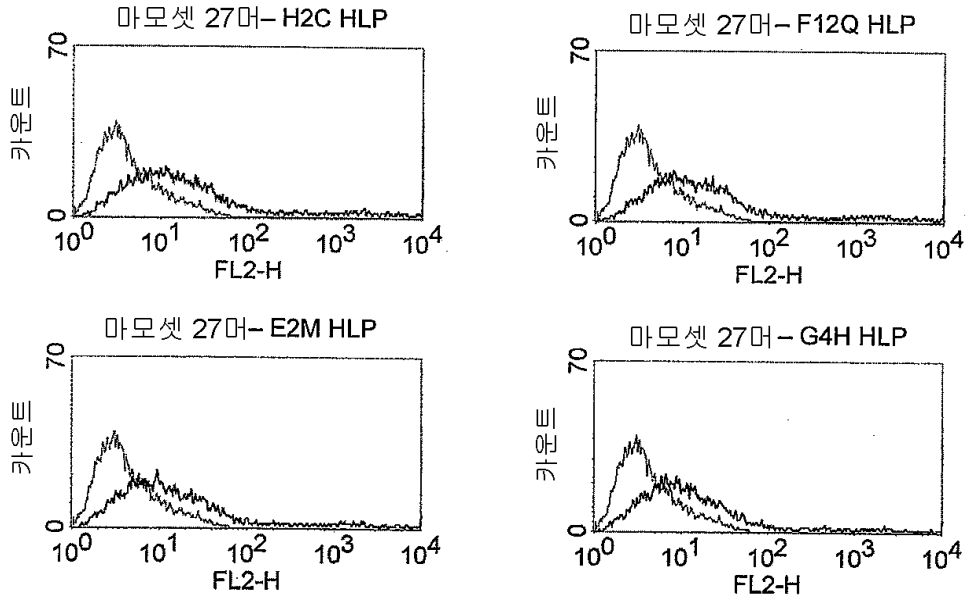
도면5


인간 27머
마모셋 27머
타마린 27머
다람쥐 원숭이 27머
돼지 27머
카운트
FL2-H

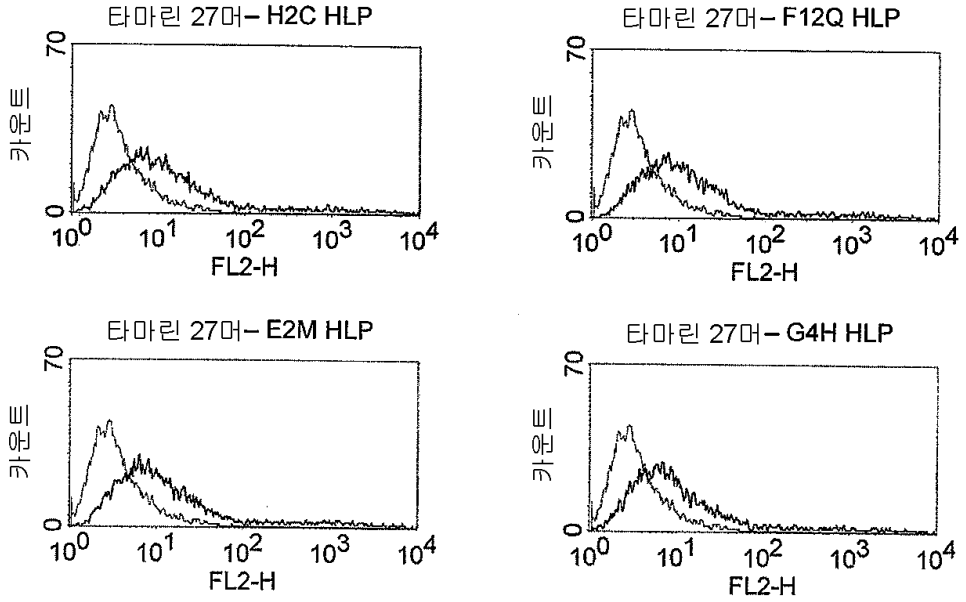
도면6a


인간 27머– H2C HLP
인간 27머– F12Q HLP
인간 27머– E2M HLP
인간 27머– G4H HLP
카운트
FL2-H

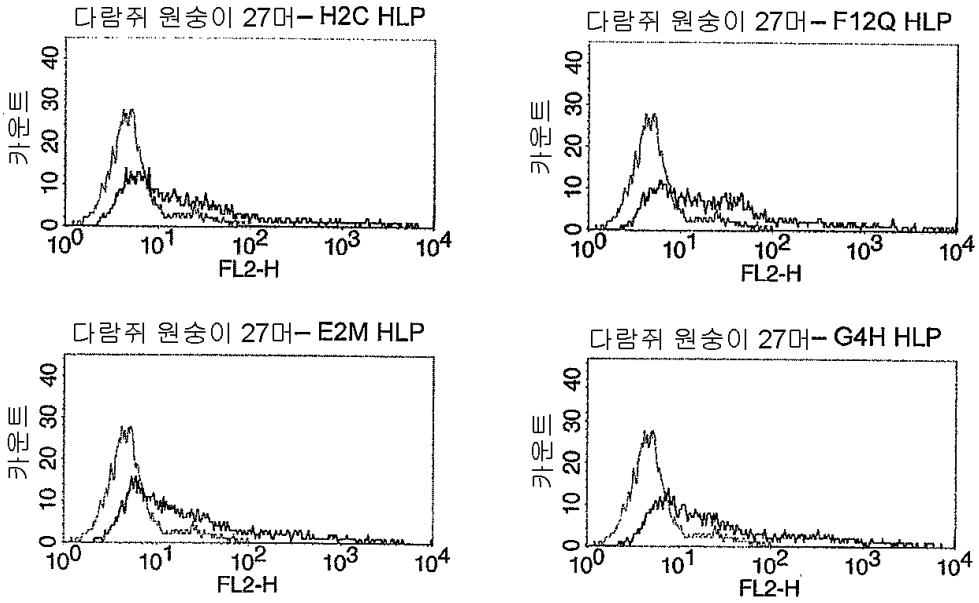
도면6b


마모셋 27머– H2C HLP
마모셋 27머– F12Q HLP
마모셋 27머– E2M HLP
마모셋 27머– G4H HLP
카운트
70
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

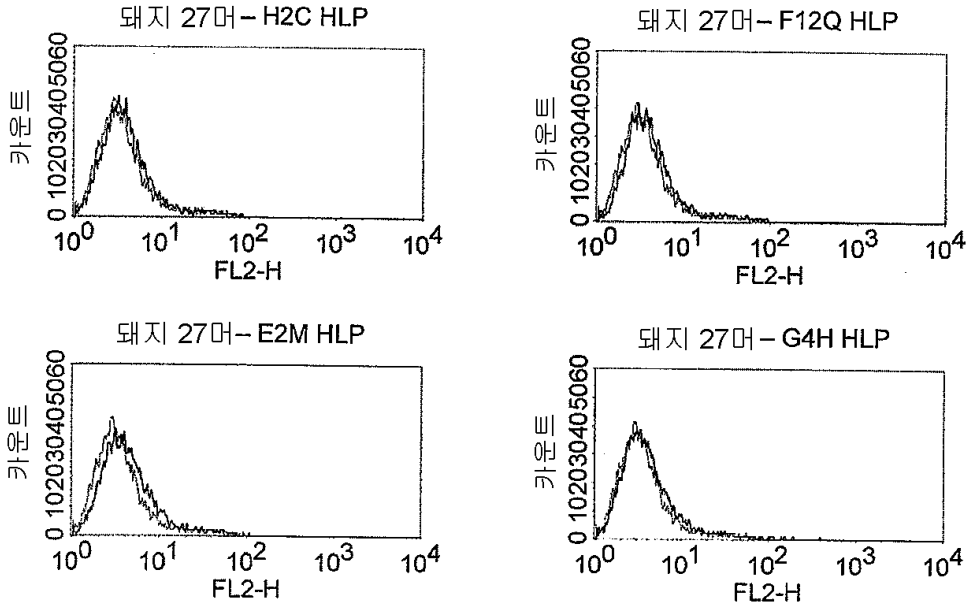
도면6c


타마린 27머– H2C HLP
타마린 27머– F12Q HLP
타마린 27머– E2M HLP
타마린 27머– G4H HLP
카운트
70
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

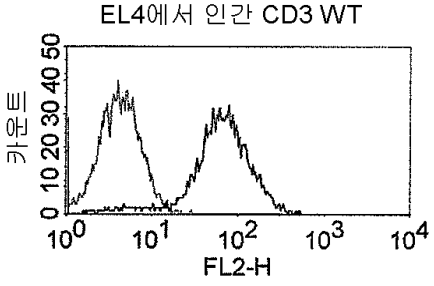
도면6d



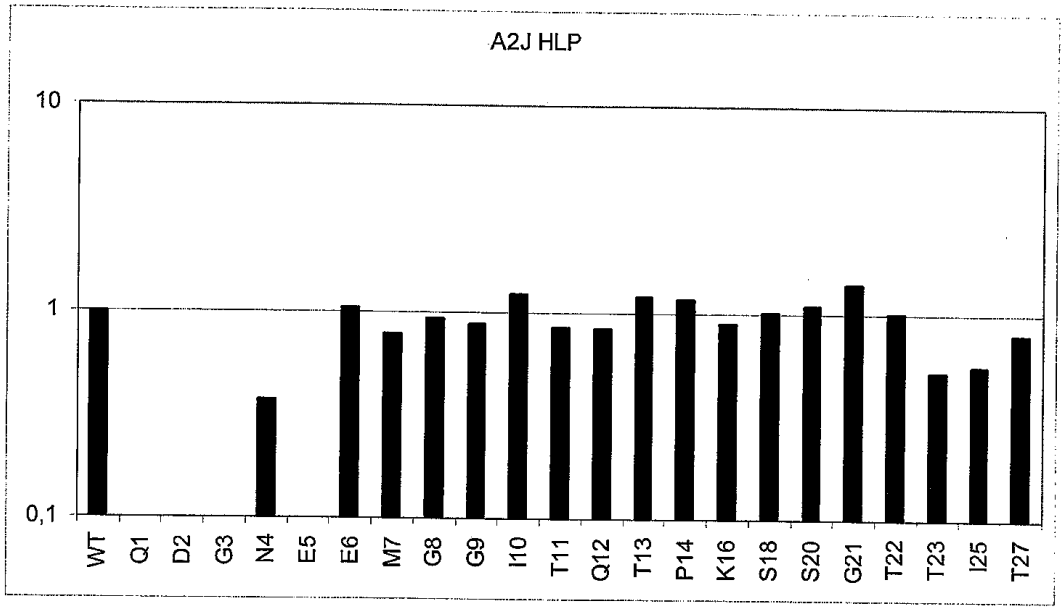
도면6e



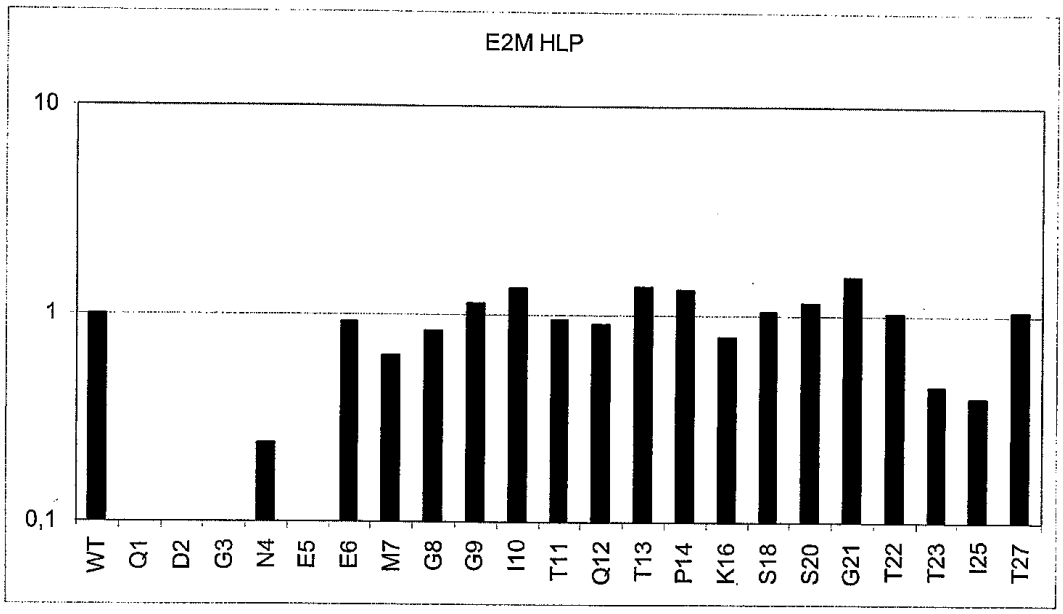
도면7



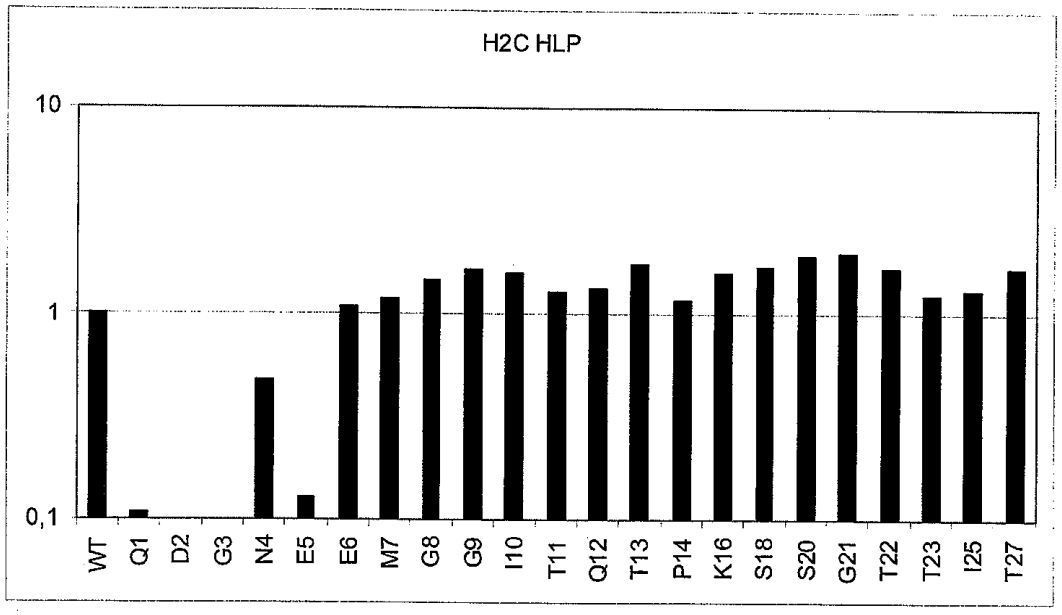
도면8a


A2J HLP
10
1
0,1
WT
Q1
D2
G3
N4
E5
E6
M7
G8
G9
I10
T11
Q12
T13
P14
K16
S18
S20
G21
T22
T23
I25
T27

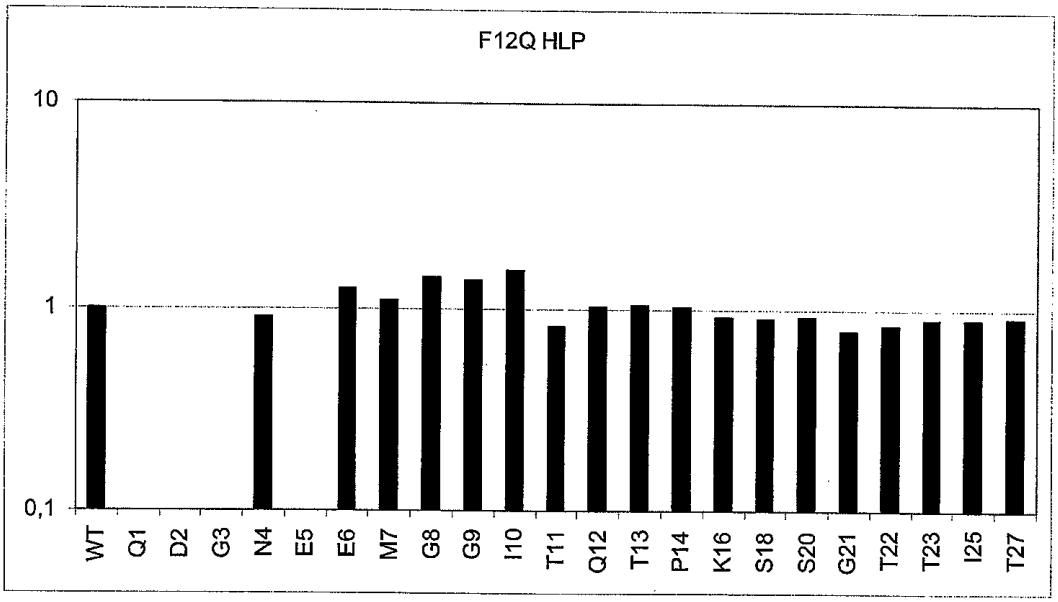
도면8b


E2M HLP
10
1
0,1
WT
Q1
D2
G3
N4
E5
E6
M7
G8
G9
I10
T11
Q12
T13
P14
K16
S18
S20
G21
T22
T23
I25
T27

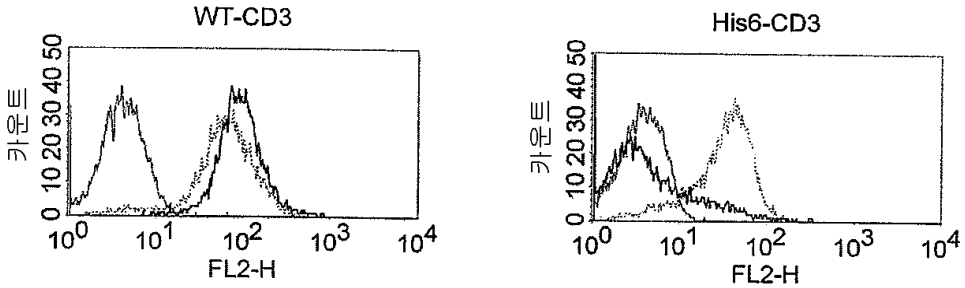
도면8c



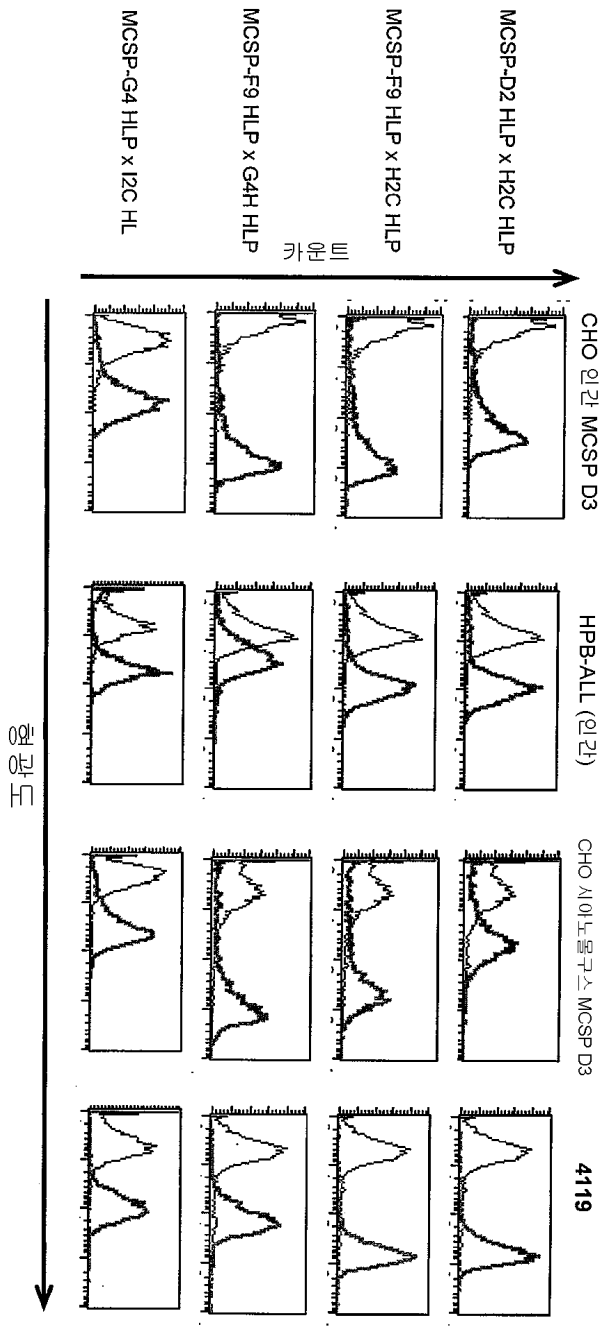
도면8d



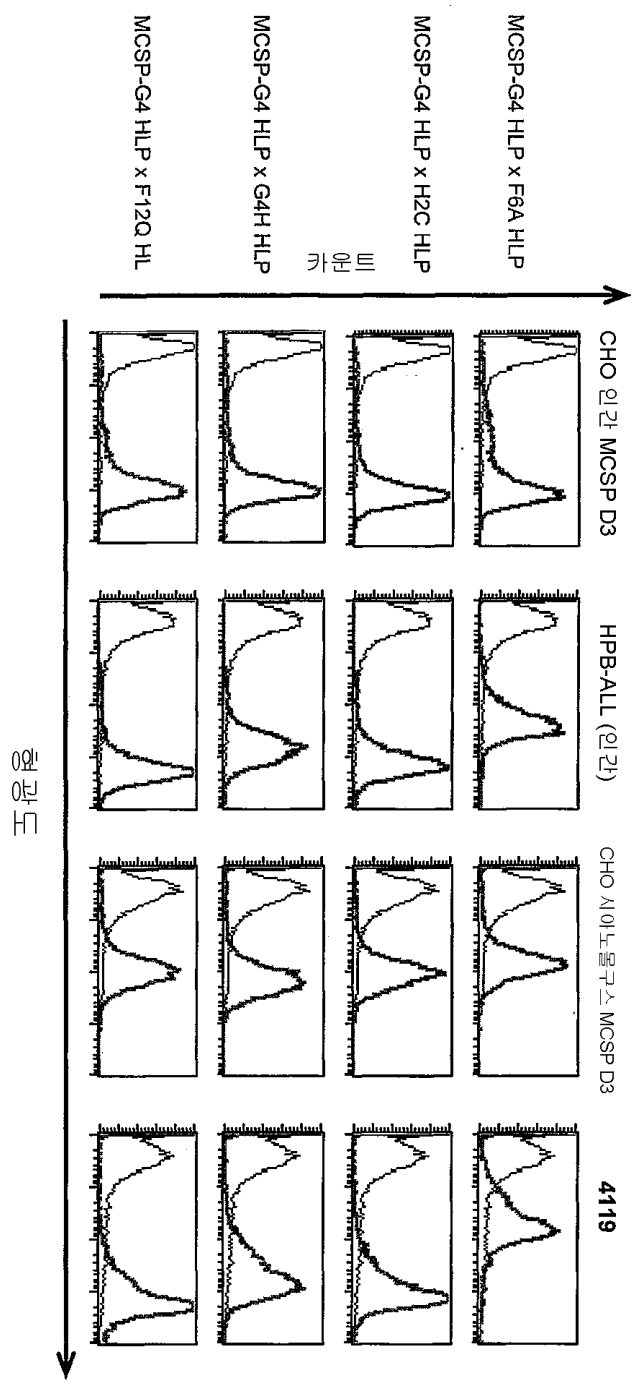
도면9



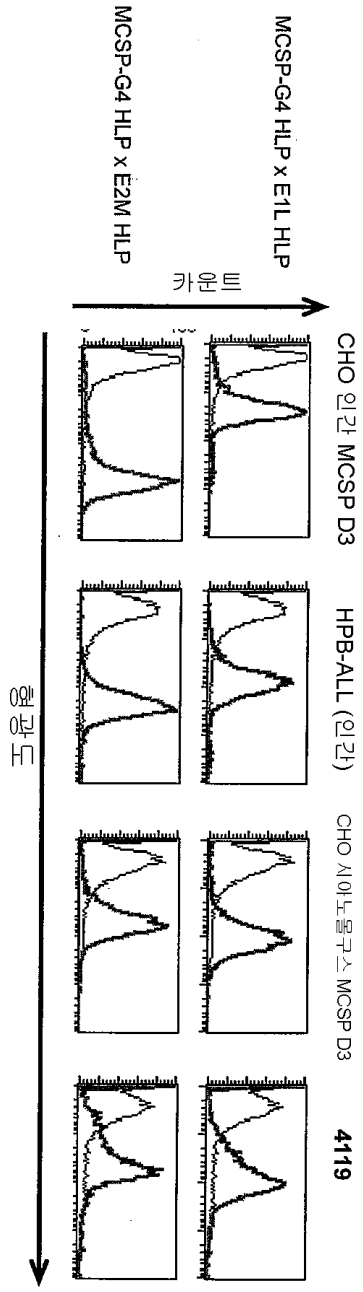
도면10


MCSP-D2 HLP x H2C HLP
MCSP-F9 HLP x H2C HLP
MCSP-F9 HLP x G4H HLP
MCSP-G4 HLP x I2C HL
카운트
CHO 인간 MCSP D3
HPB-ALL (인간)
CHO 시아노몰구스 MCSP D3
4119
형광 강도

도면11

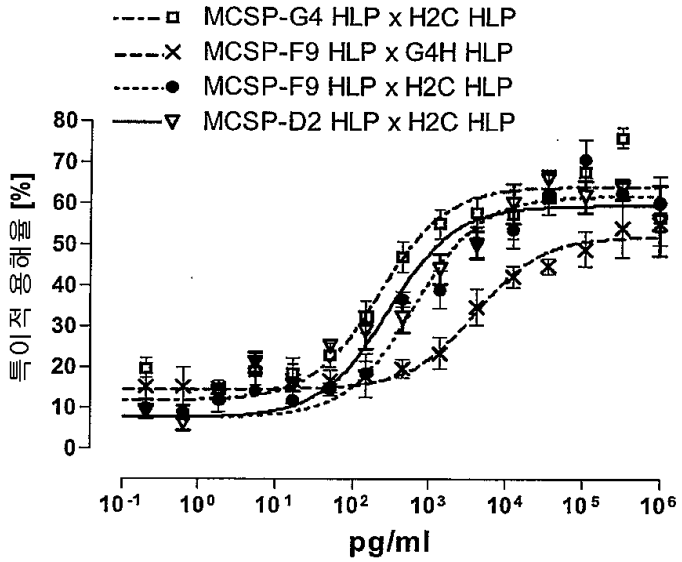

MCSP-G4 HLP x F6A HLP
MCSP-G4 HLP x H2C HLP
MCSP-G4 HLP x G4H HLP
MCSP-G4 HLP x F12Q HL
카운트
CHO 인간 MCSP D3
HPB-ALL (인간)
CHO 시아노몰구스 MCSP D3
4119
형광도

도면12


MCSP-G4 HLP x E1L HLP
MCSP-G4 HLP x E2M HLP
카운트
CHO 인간 MCSP D3
HPB-ALL (인간)
CHO 시아노몰구스 MCSP D3
4119
농도 증가

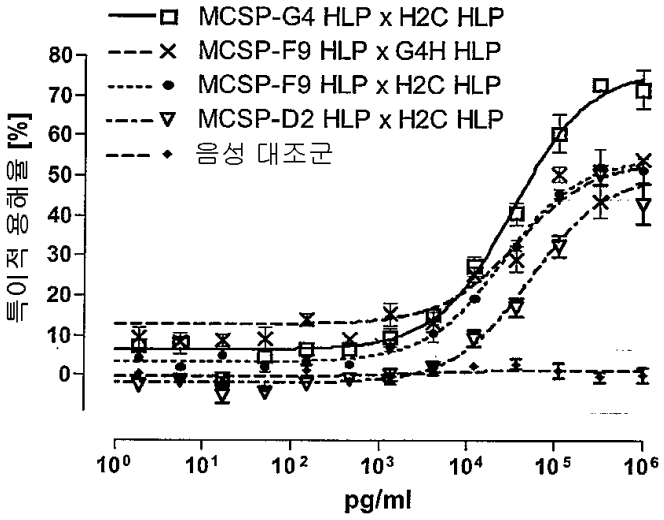
도면13a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



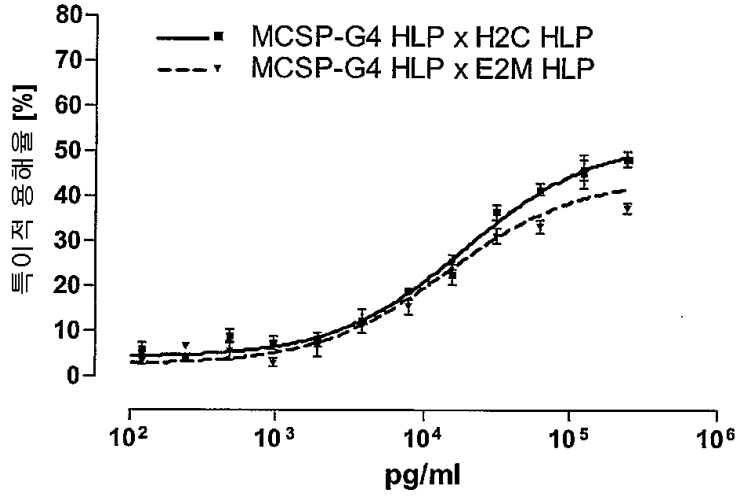
도면13b

이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119 LnPx
표적 세포: 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



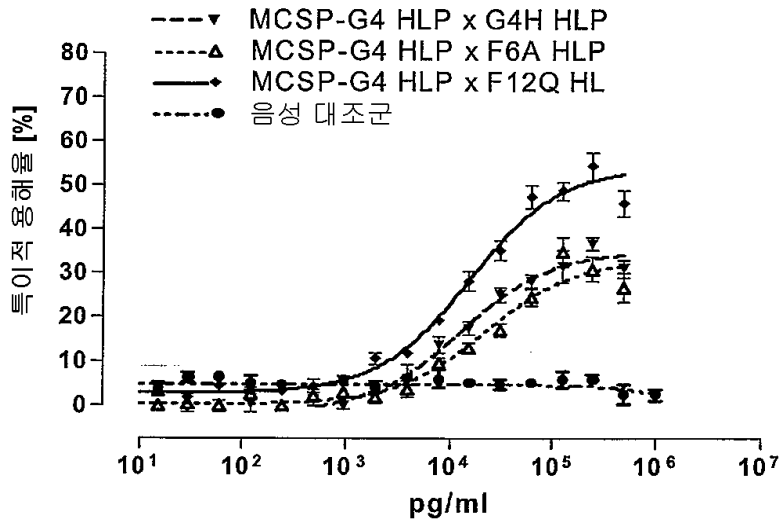
도면14a

이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119 LnPx
표적 세포: 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



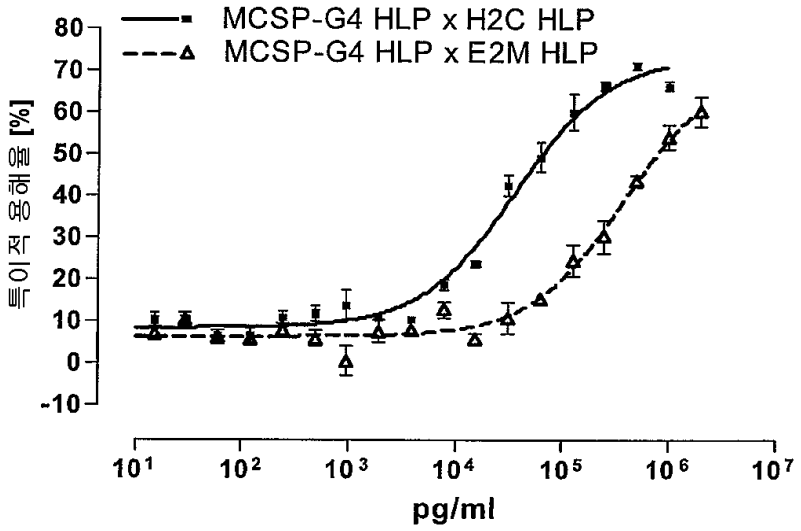
도면14b

이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119 LnPx
표적 세포: 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



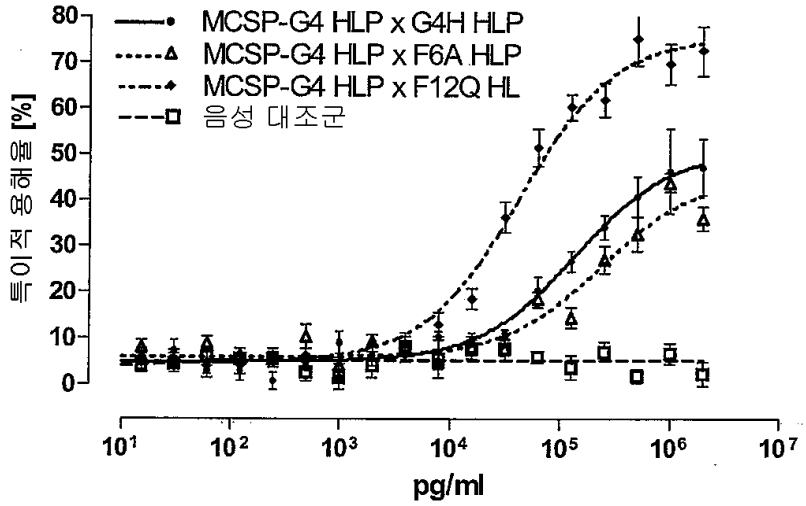
도면15a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



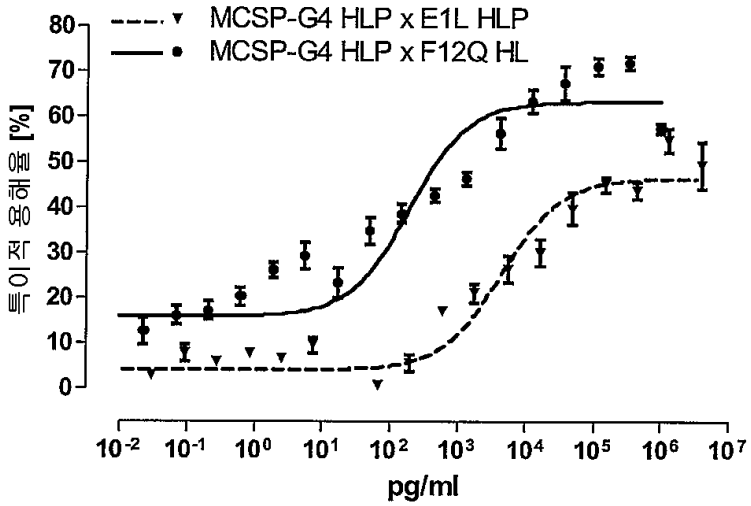
도면15b

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



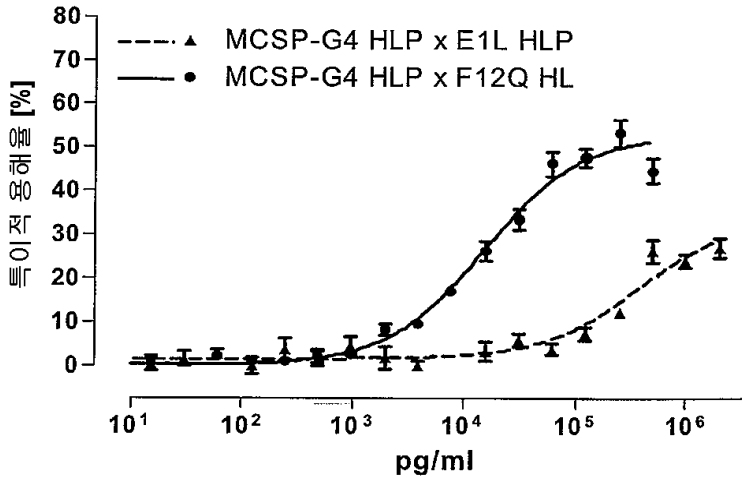
도면16a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



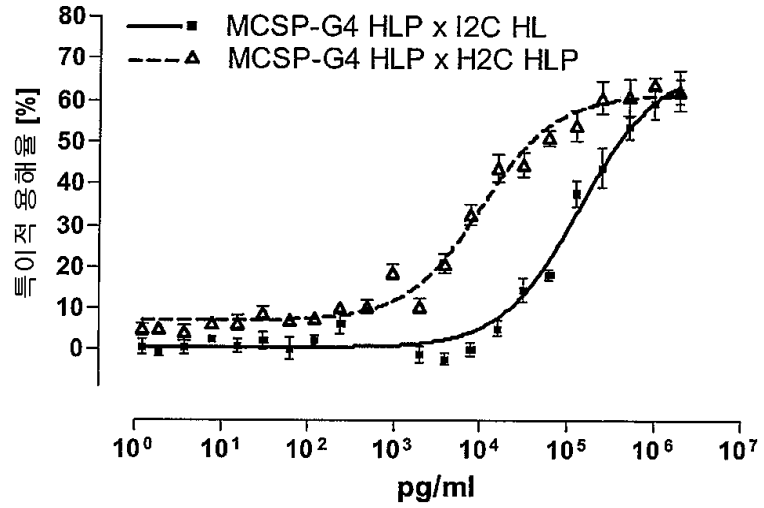
도면16b

이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119 LnPx
표적 세포: 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



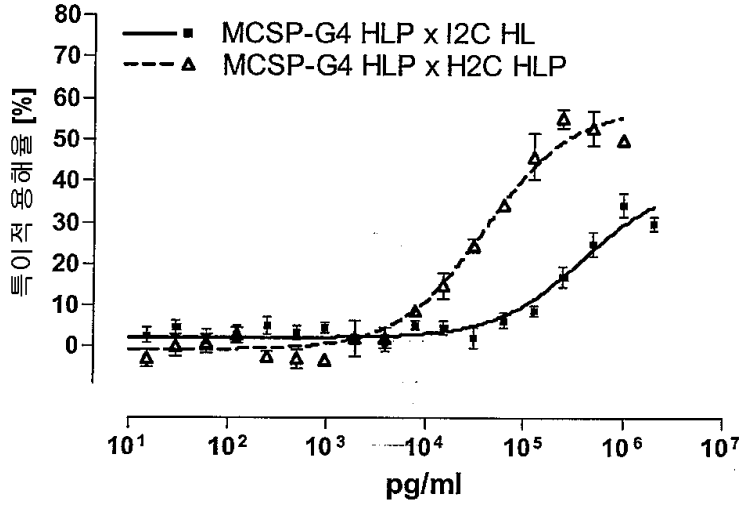
도면17a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO

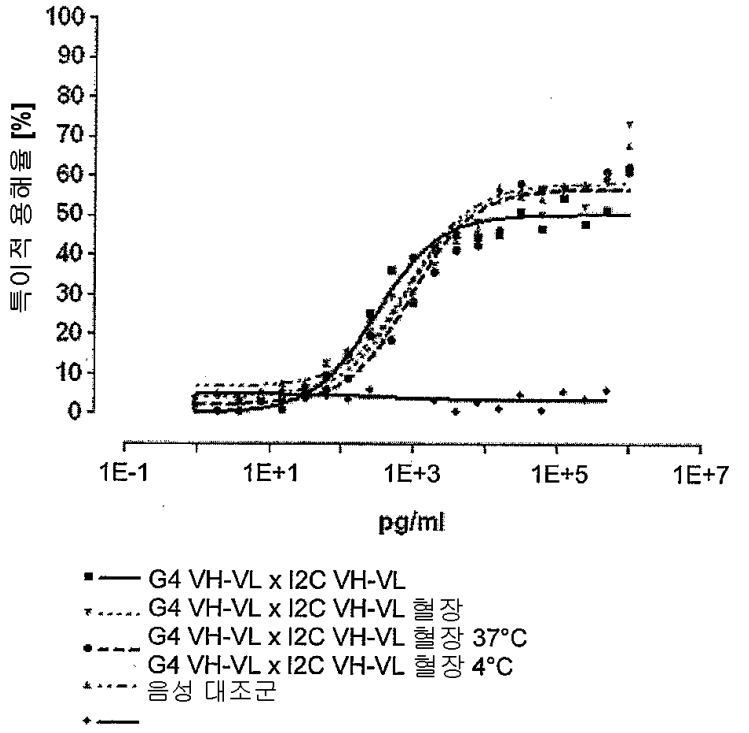


도면17b

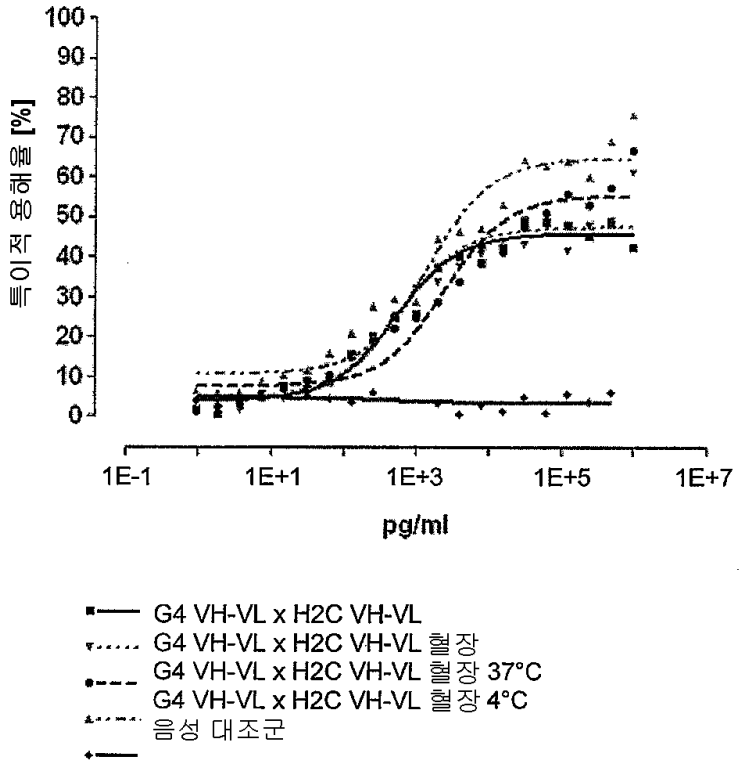
이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 T 세포주 4119 LnPx
표적 세포: 시아노몰구스 MCSP D3으로 형질감염된 CHO



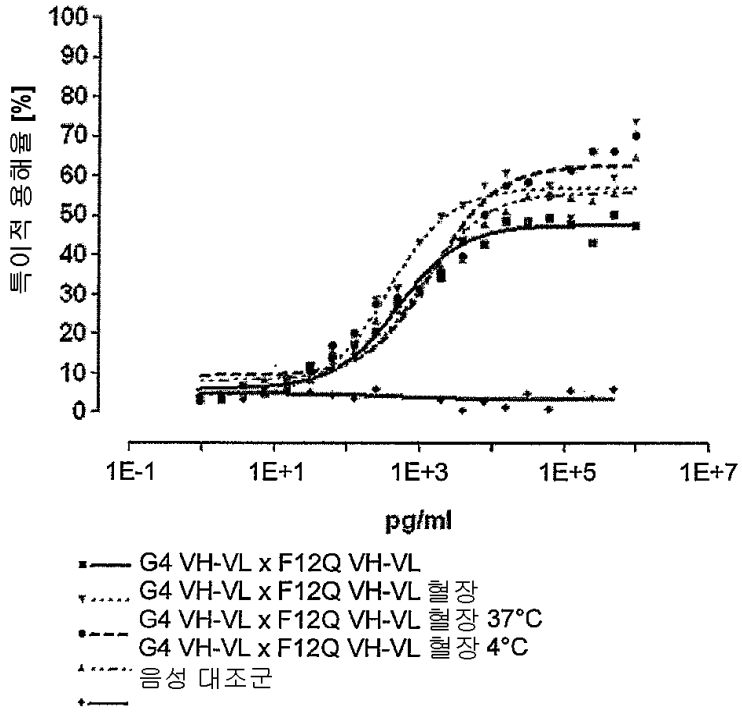
도면18a


100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
특이적 용해율 [%]
1E-1
1E+1
1E+3
1E+5
1E+7
pg/ml
G4 VH-VL x I2C VH-VL
G4 VH-VL x I2C VH-VL 혈장
G4 VH-VL x I2C VH-VL 혈장 37°C
G4 VH-VL x I2C VH-VL 혈장 4°C
음성 대조군

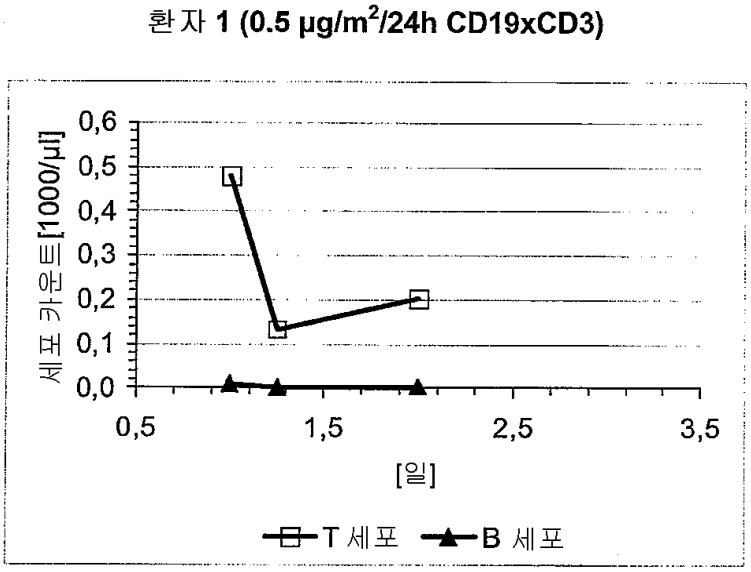
도면18b


100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
특이적 용해율 [%]
1E-1
1E+1
1E+3
1E+5
1E+7
pg/ml
G4 VH-VL x H2C VH-VL
G4 VH-VL x H2C VH-VL 혈장
G4 VH-VL x H2C VH-VL 혈장 37°C
G4 VH-VL x H2C VH-VL 혈장 4°C
음성 대조군

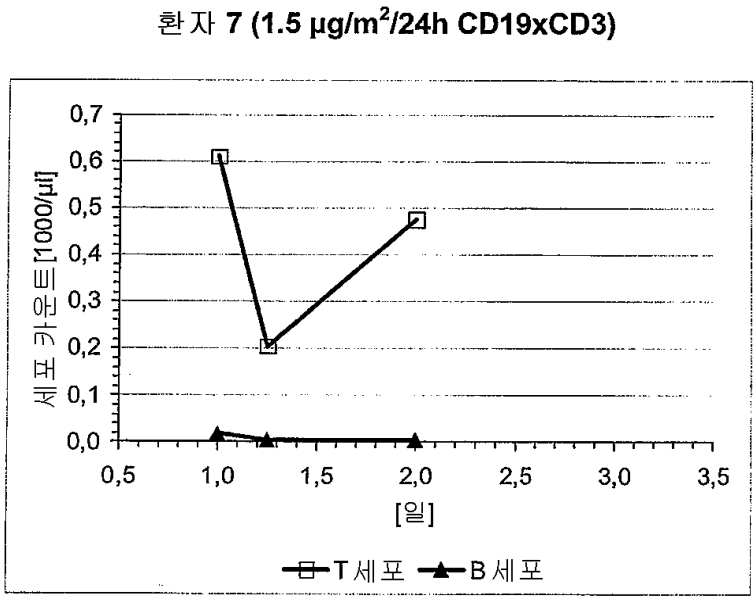
도면18c


100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
특이적 용해율 [%]
1E-1
1E+1
1E+3
1E+5
1E+7
pg/ml
G4 VH-VL x F12Q VH-VL
G4 VH-VL x F12Q VH-VL 혈장
G4 VH-VL x F12Q VH-VL 혈장 37°C
G4 VH-VL x F12Q VH-VL 혈장 4°C
음성 대조군

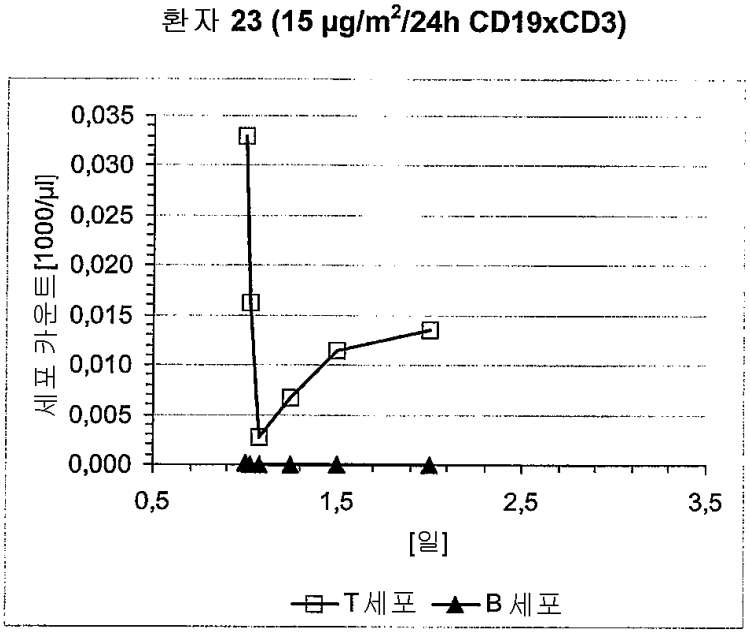
도면19a


환자 1 (0.5 µg/m²/24h CD19xCD3)
0,6
0,5
0,4
0,3
0,2
0,1
0,0
세포 카운트 [1000/µl]
0,5
1,5
2,5
3,5
[일]
T 세포
B 세포

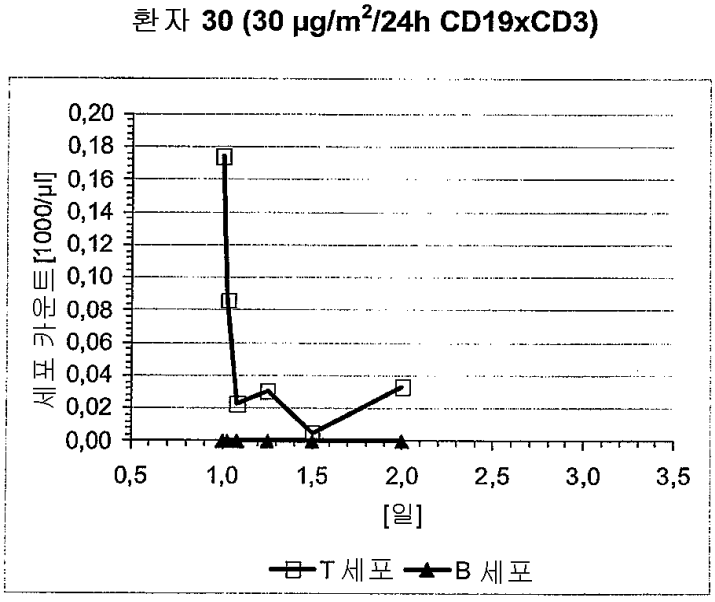
도면19b


환자 7 (1.5 µg/m²/24h CD19xCD3)
세포 카운트 [1000/µl]
0,7
0,6
0,5
0,4
0,3
0,2
0,1
0,0
0,5
1,0
1,5
2,0
2,5
3,0
3,5
[일]
T 세포
B 세포

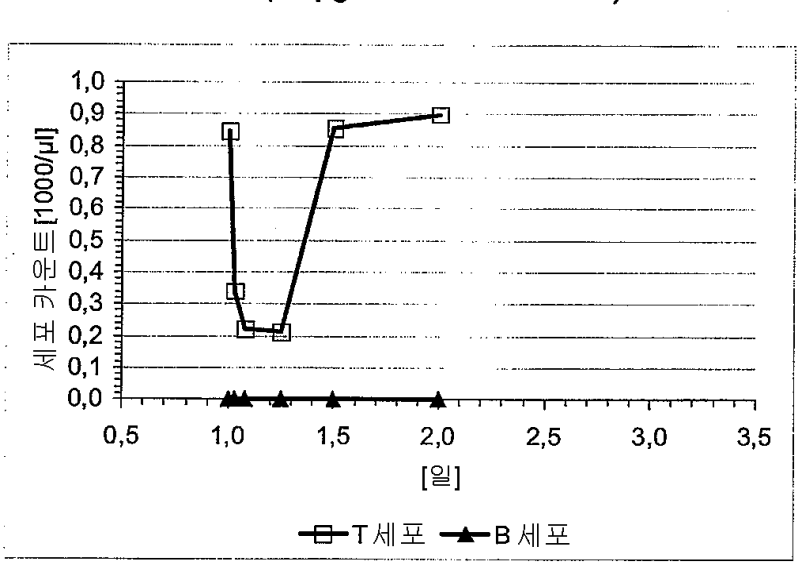
도면19c


환자 23 (15 µg/m²/24h CD19xCD3)
세포 카운트 [1000/µl]
0,035
0,030
0,025
0,020
0,015
0,010
0,005
0,000
0,5
1,5
2,5
3,5
[일]
T 세포
B 세포

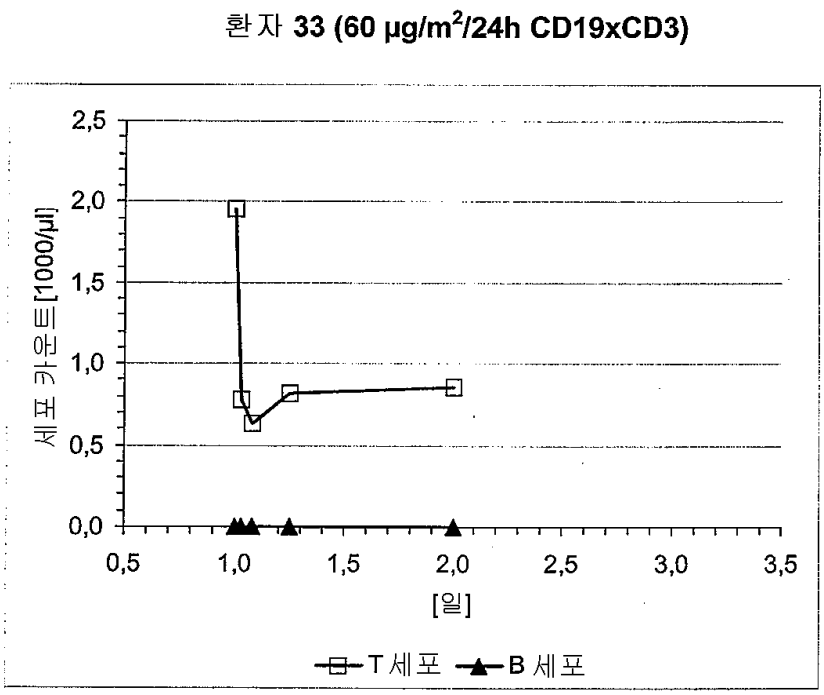
도면19d


환자 30 (30 μg/m²/24h CD19xCD3)
세포 카운트 [1000/μl]
0,20
0,18
0,16
0,14
0,12
0,10
0,08
0,06
0,04
0,02
0,00
0,5
1,0
1,5
2,0
2,5
3,0
3,5
[일]
T 세포
B 세포

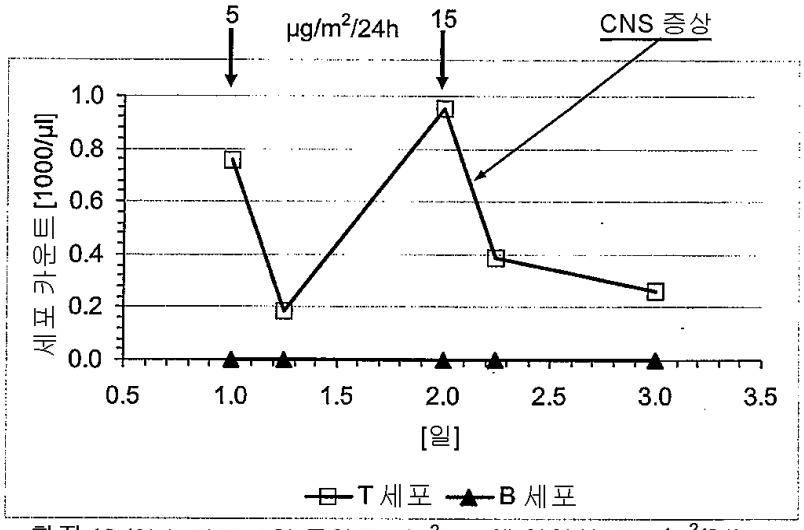
도면19e


환자 31 (30 μg/m²/24h CD19xCD3)
세포 카운트 [1000/μl]
1,0
0,9
0,8
0,7
0,6
0,5
0,4
0,3
0,2
0,1
0,0
0,5
1,0
1,5
2,0
2,5
3,0
3,5
[일]
T 세포
B 세포

도면19f

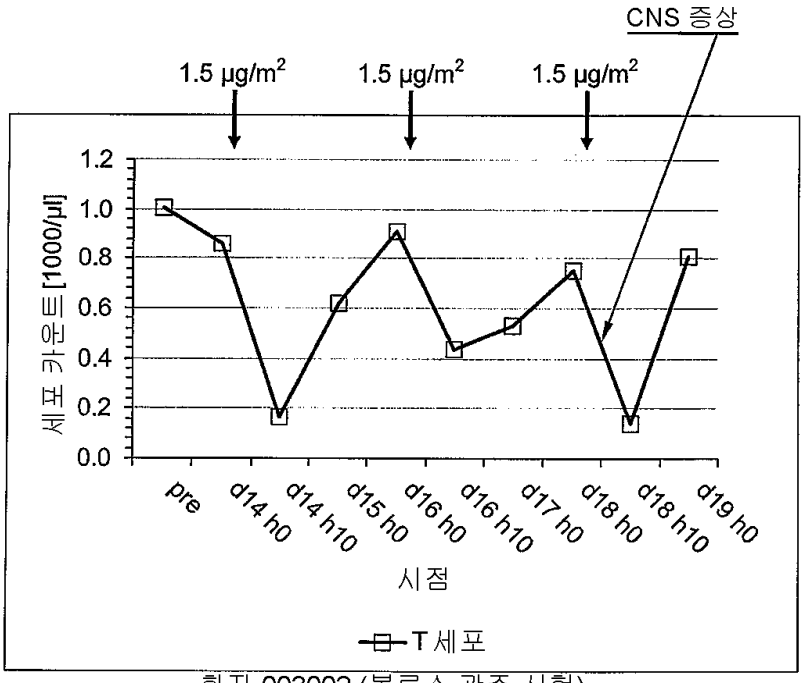


도면20a



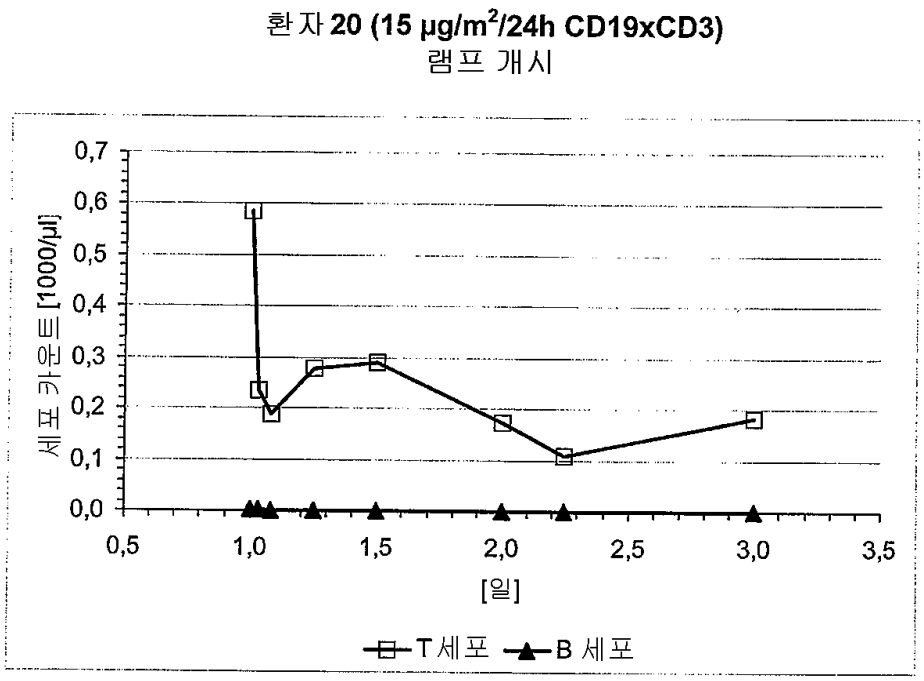
환자 19 (연속 관주: 1일 동안 5µg/m²/24h에 이어서 15 µg/m²/24h CD19xCD3 유지)

도면20b

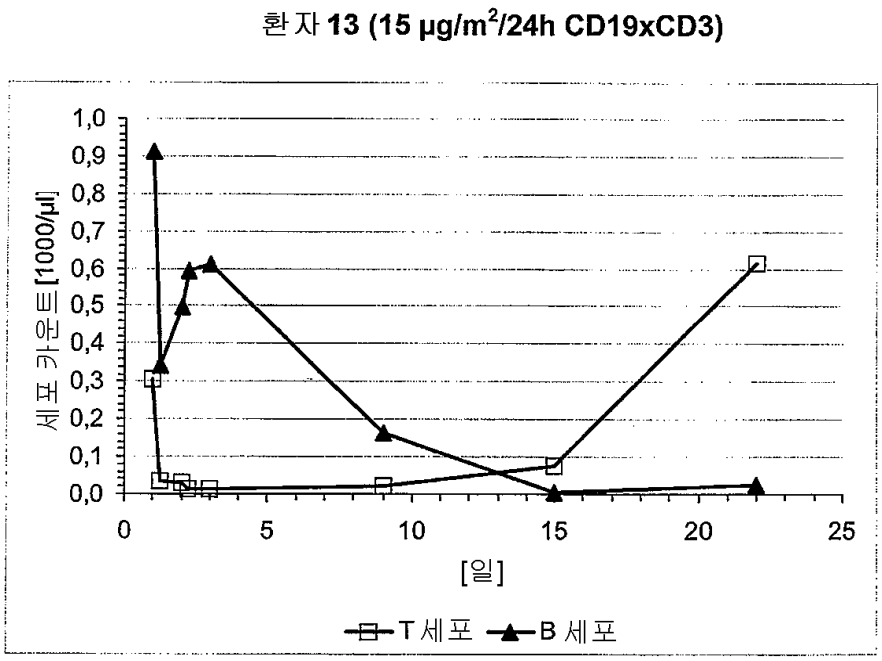


환자 003002 (볼루스 관주 시험)

도면21

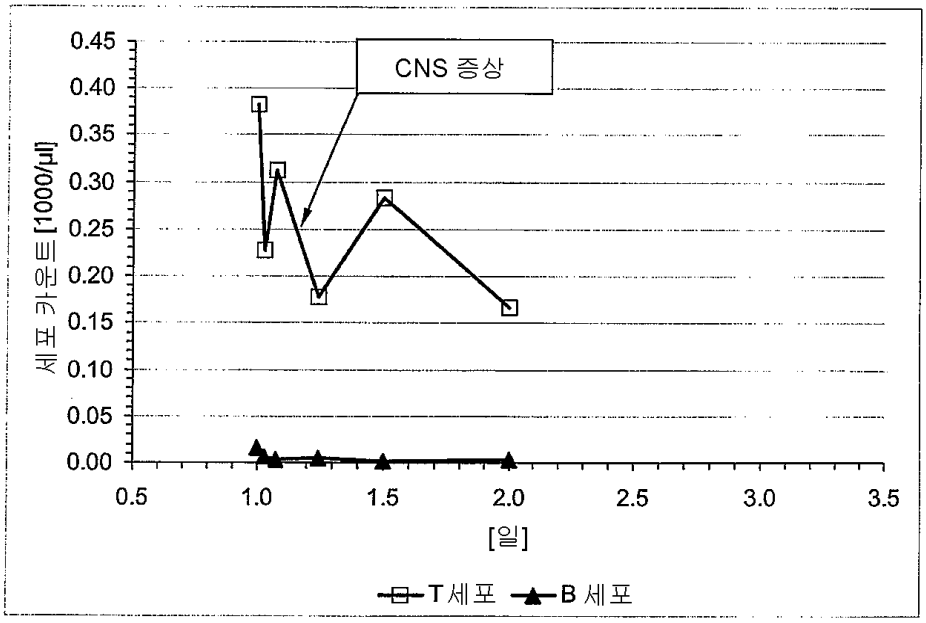


도면22

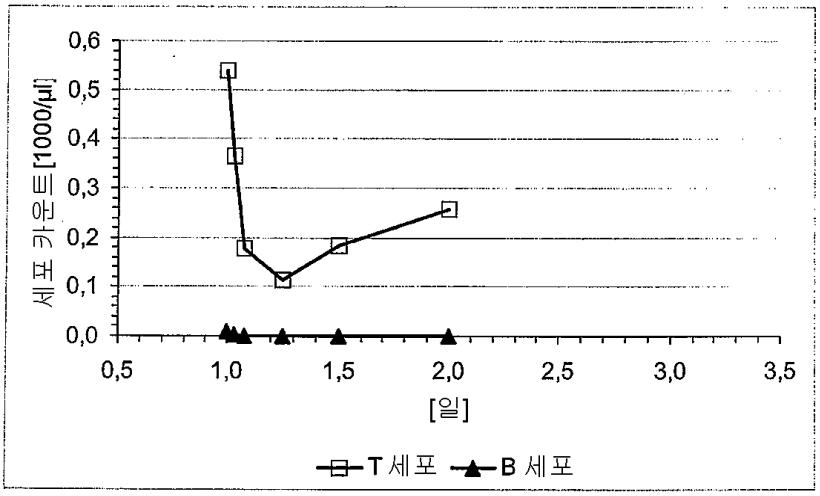

환자 13 (15 µg/m²/24h CD19xCD3)
세포 카운트 [1000/µl]
1,0
0,9
0,8
0,7
0,6
0,5
0,4
0,3
0,2
0,1
0,0
0
5
10
15
20
25
[일]
T 세포
B 세포

도면23

환자 **24** (HSA 부재 하의 15**μg/m²/24h** CD19xCD3)
1차 처리 개시

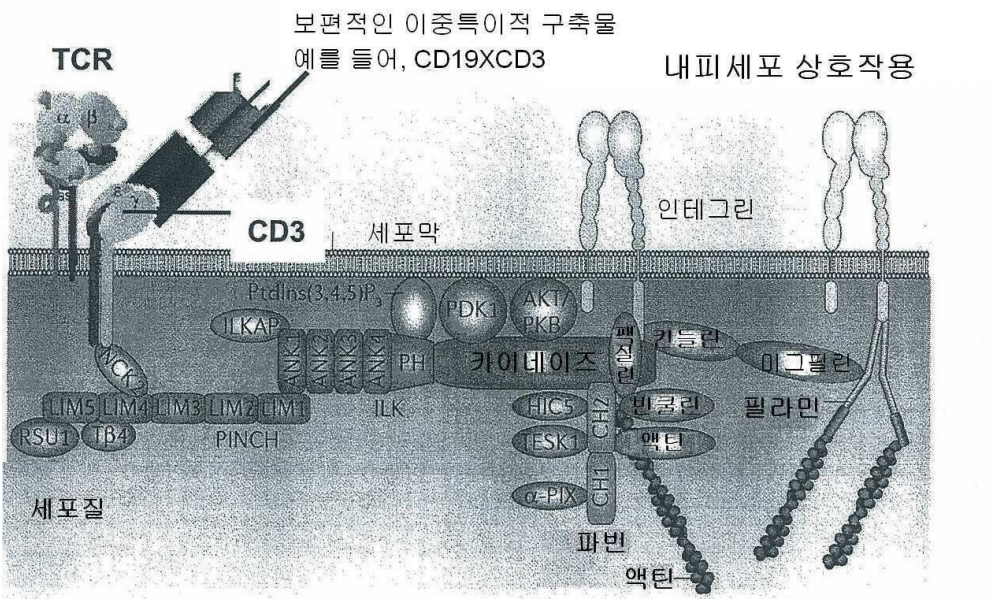


환자 **24** (HSA 존재 하의 15**μg/m²/24h** CD19xCD3)
2차 처리 개시



도면24

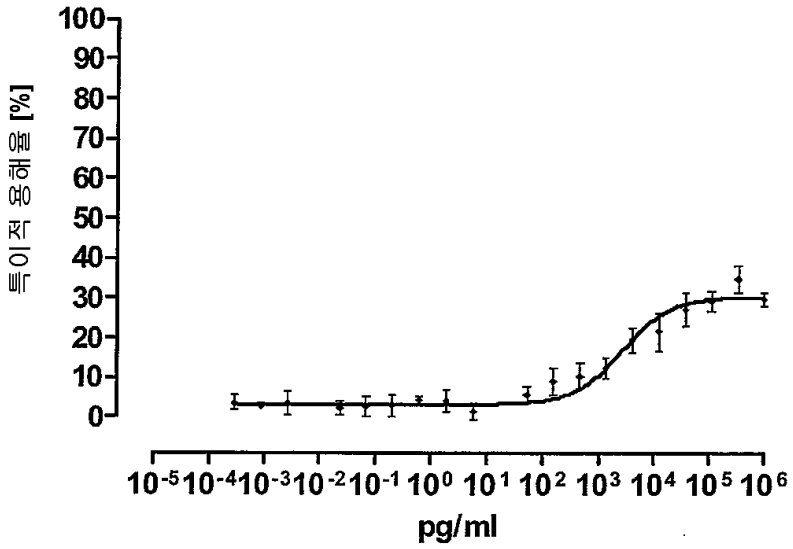
환경-의존적인 CD3 에피토프에의 일이 결합에 의해 유도된 내피 세포와 T 세포의 부착 모델



도면25

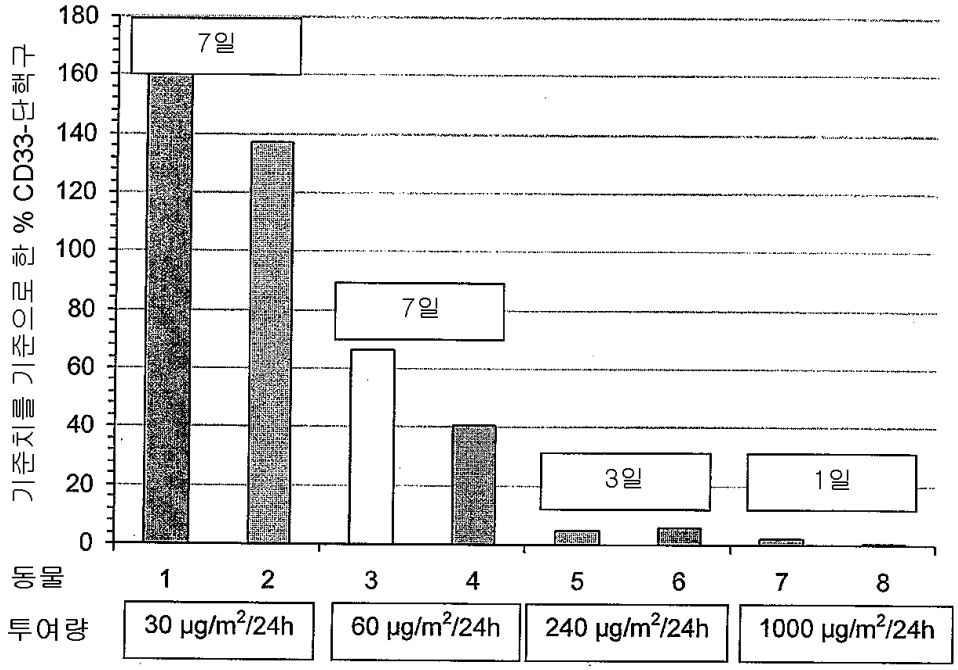
시아노몰구스 시험 물질의 세포독성
CD33-AF5 VH-VL x I2C VH-VL

표적 세포: 시아노몰구스 CD33 CHO; 이펙터 세포: 4119 LnPx
E:T 비 10:1; 분석 기간: 18시간
EC50: 2.7 ng/ml

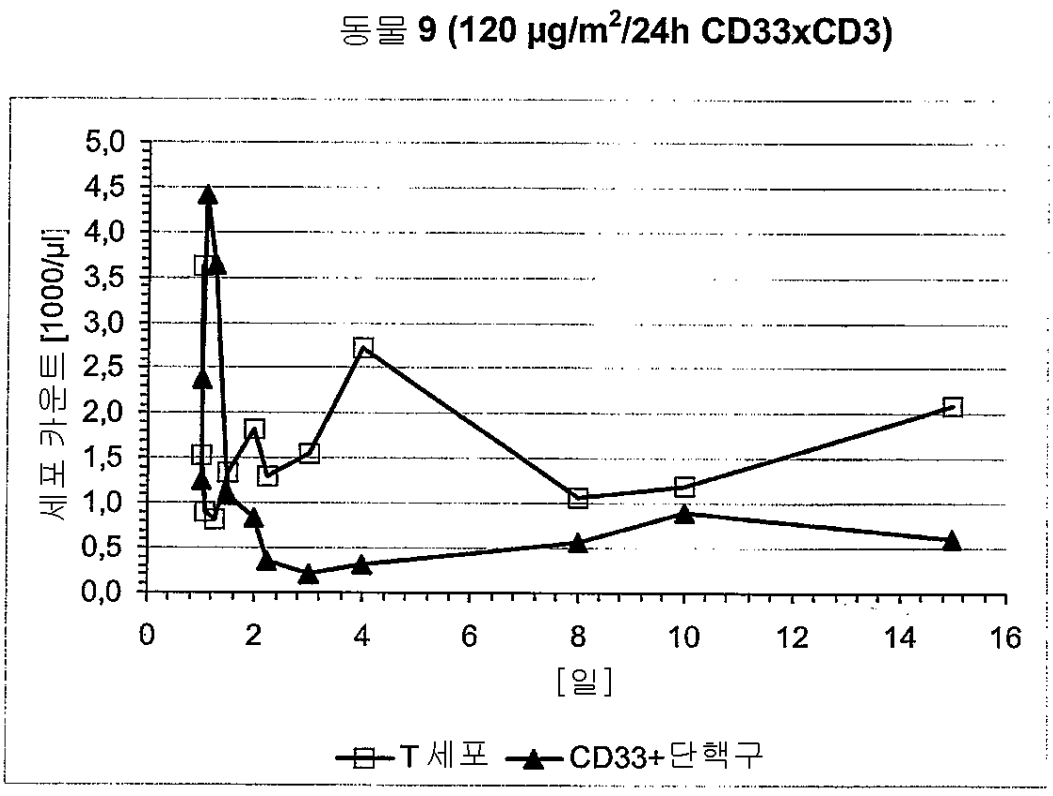


도면26a

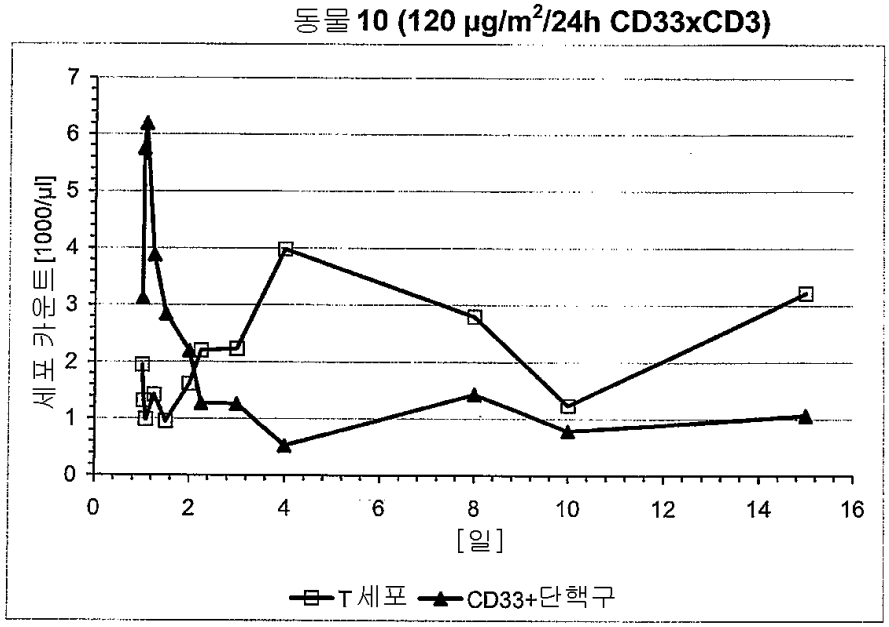
CD33-AF5 VH-VL x 12C VH-VL을 통한 혈액 CD33-단핵구의 투여량- 및 시간- 의존적인 고갈



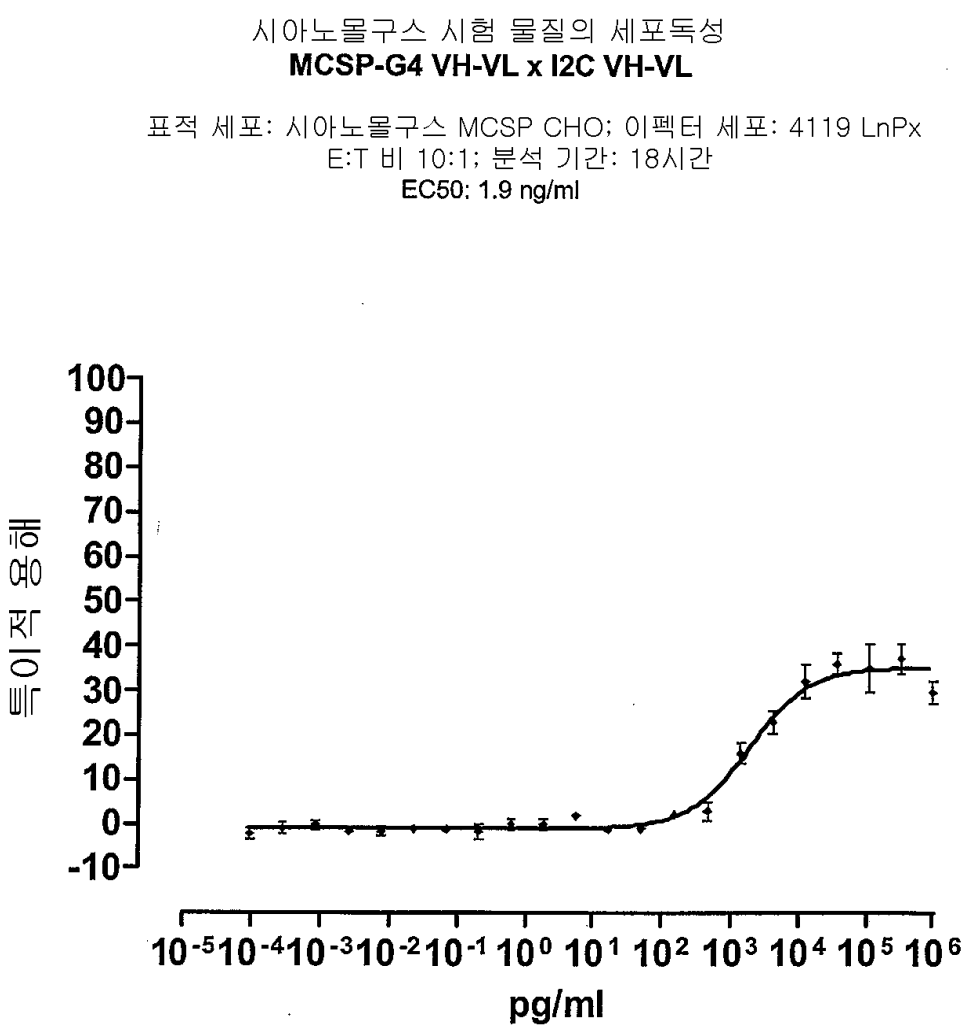
도면26ba



도면26bb

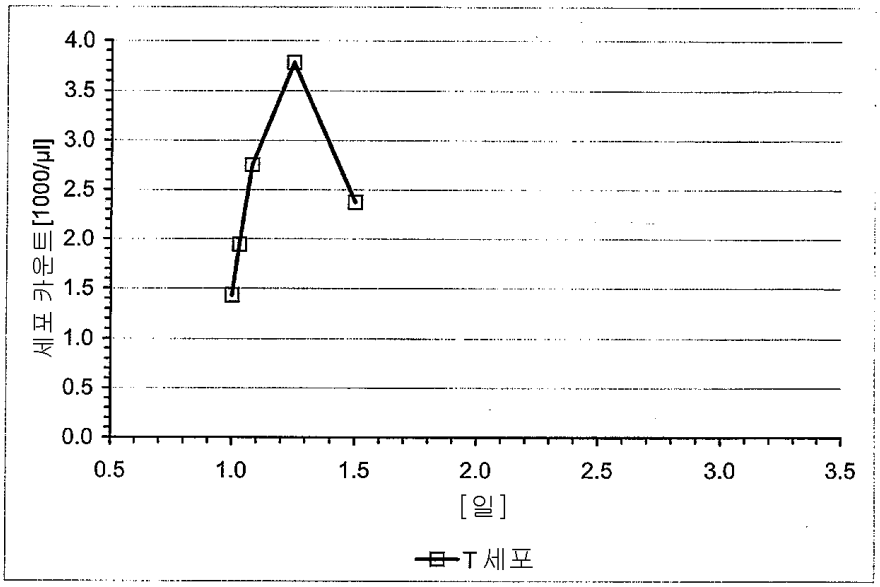

동물 10 (120 µg/m²/24h CD33xCD3)
세포 카운트 [1000/µl]
0
1
2
3
4
5
6
7
0
2
4
6
8
10
12
14
16
[일]
T 세포
CD33+단핵구

도면27

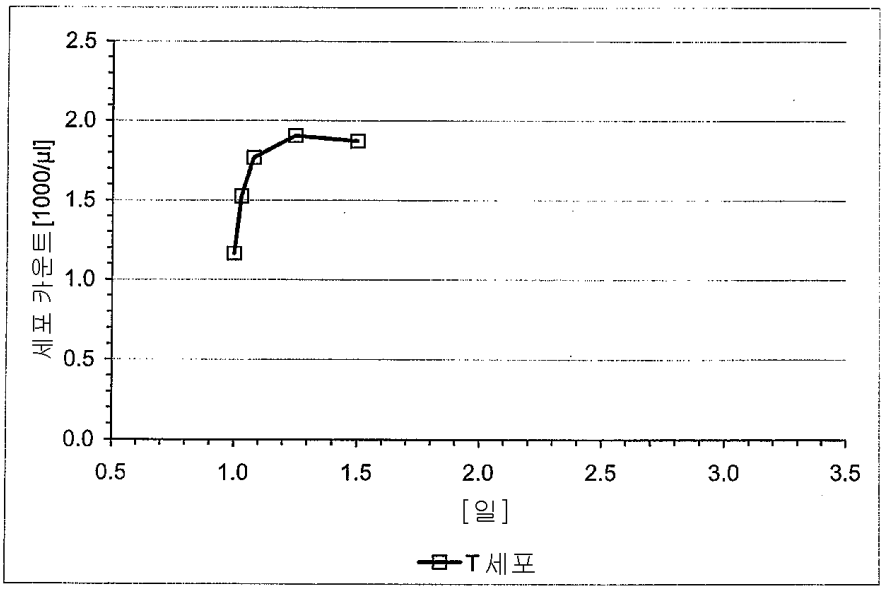

시아노몰구스 시험 물질의 세포독성
MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL
표적 세포: 시아노몰구스 MCSP CHO; 이펙터 세포: 4119 LnPx
E:T 비 10:1; 분석 기간: 18시간
EC50: 1.9 ng/ml
특이적 용해
100
90
80
70
60
50
40
30
20
10
0
-10
10-5 10-4 10-3 10-2 10-1 100 101 102 103 104 105 106
pg/ml

도면28a

동물 1 (60 μg/m²/24h MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL)

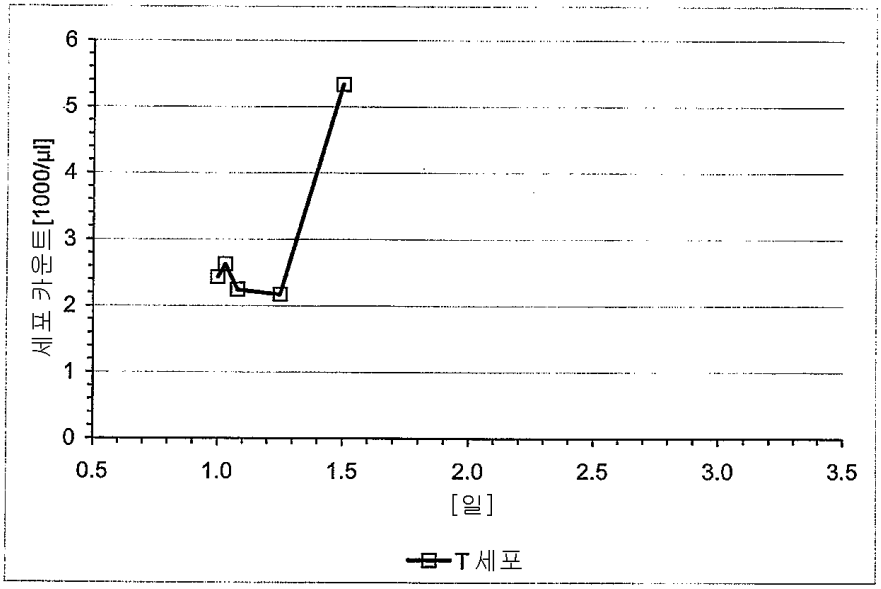


동물 2 (240 μg/m²/24h MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL)

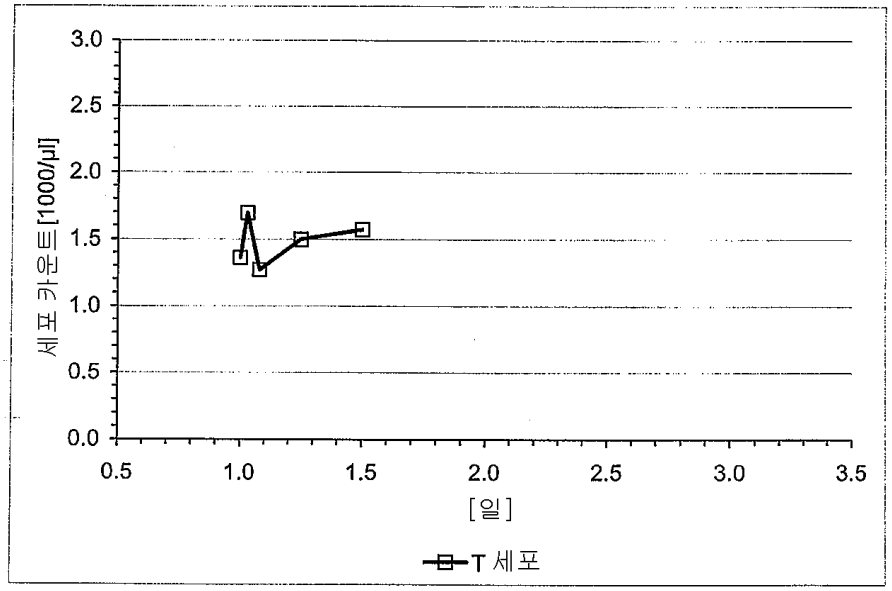


도면28b

동물 3 (240 μg/m²/24h MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL)

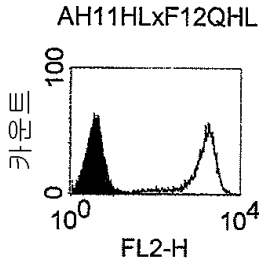


동물 4 (1000 μg/m²/24h MCSP-G4 VH-VL x I2C VH-VL)

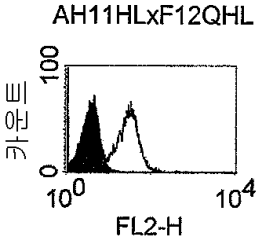


도면29a

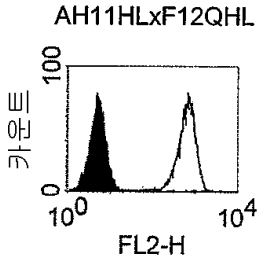
인간 CD33 형질감염된 CHO



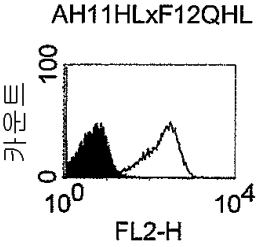
HPB-ALL



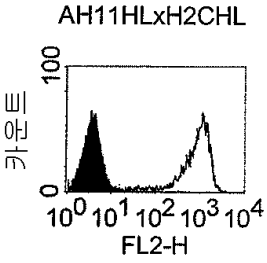
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



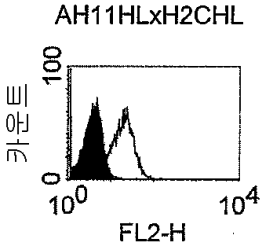
짧은꼬리 원숭이 PBMC



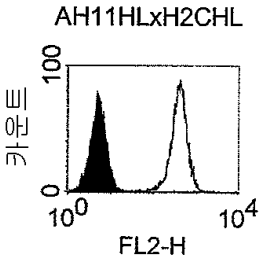
인간 CD33 형질감염된 CHO



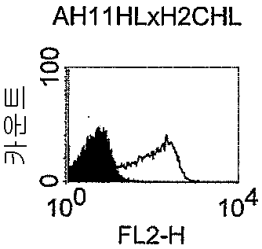
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

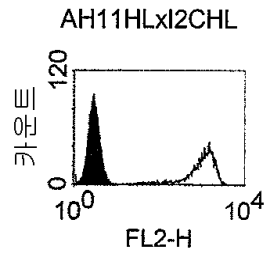


짧은꼬리 원숭이 PBMC

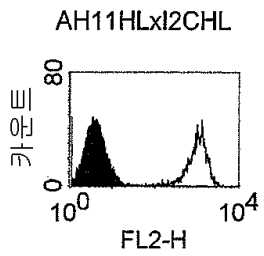


도면29b

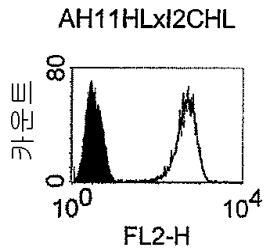
인간 CD33 형질감염된 CHO



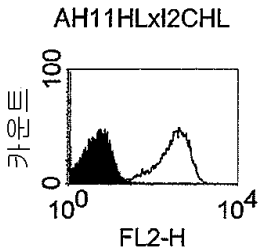
HPB-ALL



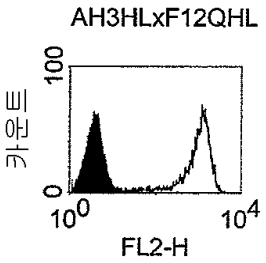
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



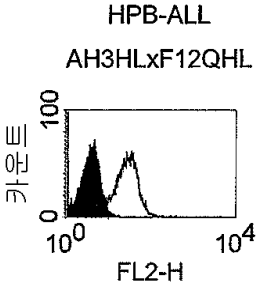
짧은꼬리 원숭이 PBMC



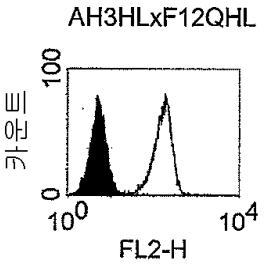
인간 CD33 형질감염된 CHO



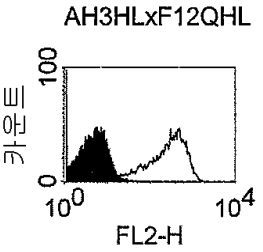
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

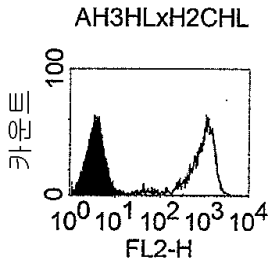


짧은꼬리 원숭이 PBMC

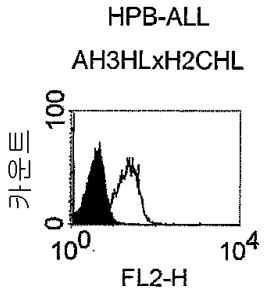


도면29c

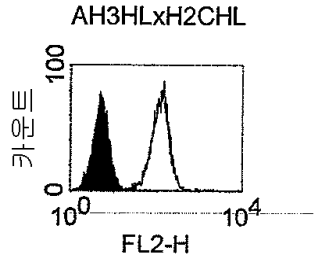
인간 CD33 형질감염된 CHO



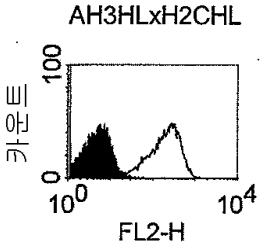
HPB-ALL



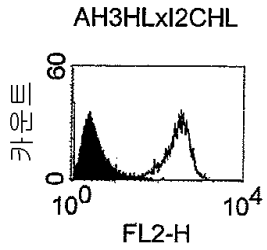
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



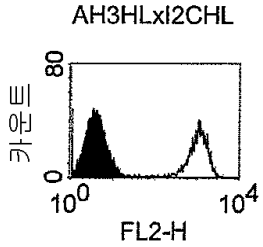
짧은꼬리 원숭이 PBMC



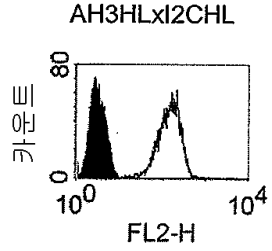
인간 CD33 형질감염된 CHO



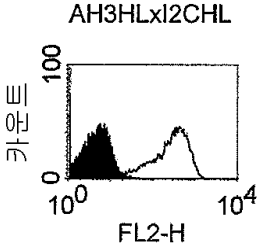
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

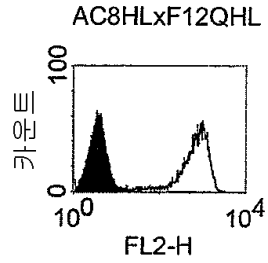


짧은꼬리 원숭이 PBMC

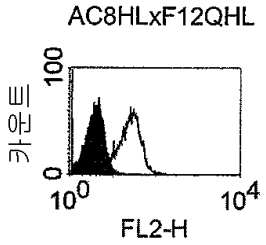


도면29d

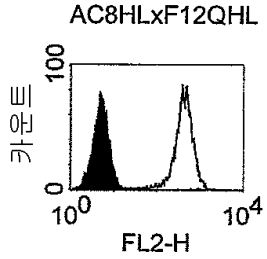
인간 CD33 형질감염된 CHO



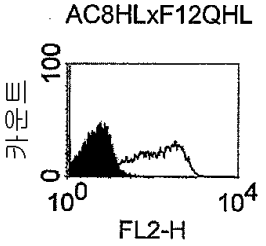
HPB-ALL



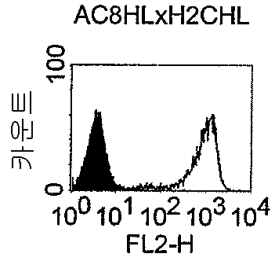
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



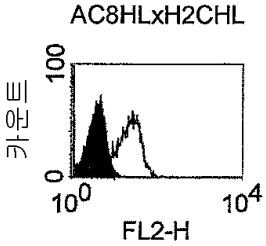
짧은꼬리 원숭이 PBMC



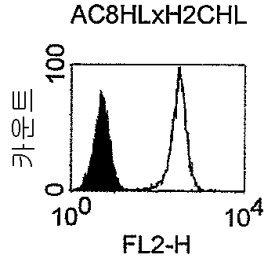
인간 CD33 형질감염된 CHO



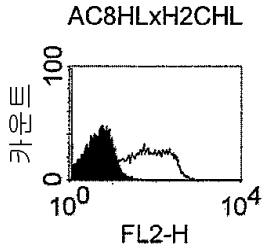
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

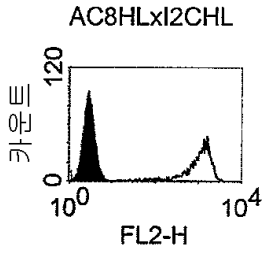


짧은꼬리 원숭이 PBMC

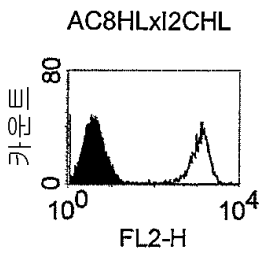


도면29e

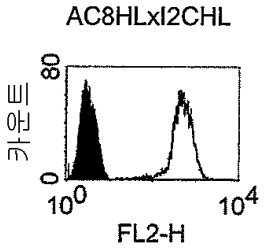
인간 CD33 형질감염된 CHO



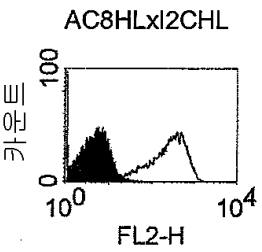
HPB-ALL



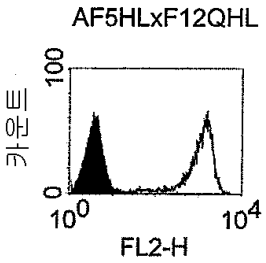
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



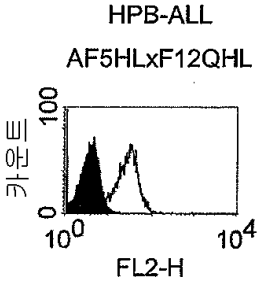
짧은꼬리 원숭이 PBMC



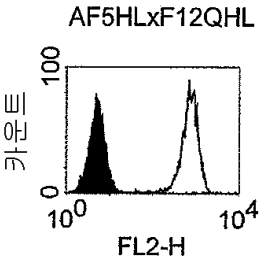
인간 CD33 형질감염된 CHO



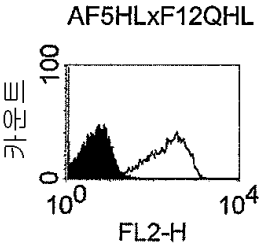
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

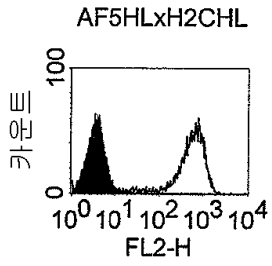


짧은꼬리 원숭이 PBMC

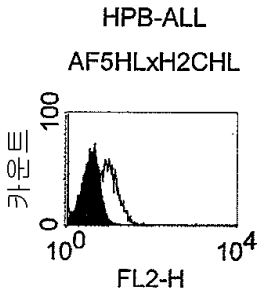


도면29f

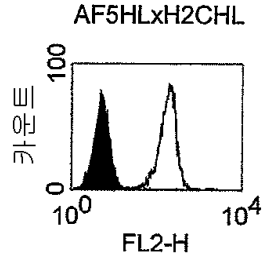
인간 CD33 형질감염된 CHO



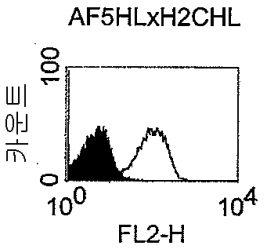
HPB-ALL



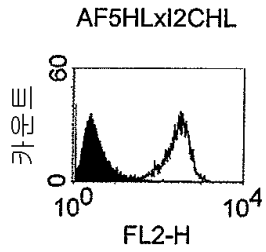
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



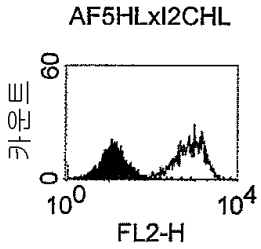
짧은꼬리 원숭이 PBMC



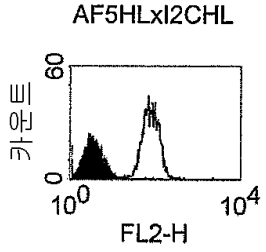
인간 CD33 형질감염된 CHO



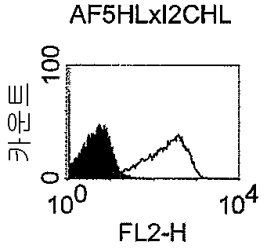
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

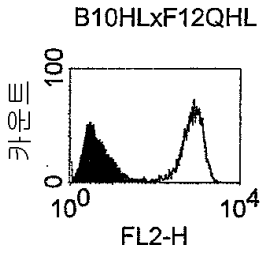


짧은꼬리 원숭이 PBMC

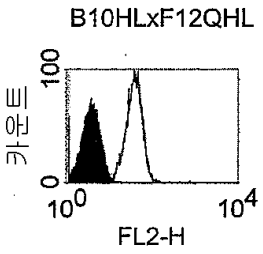


도면29g

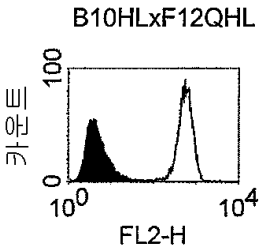
인간 CD33 형질감염된 CHO



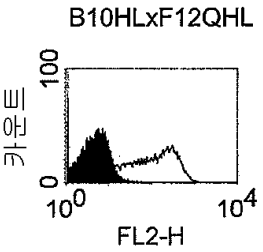
HPB-ALL



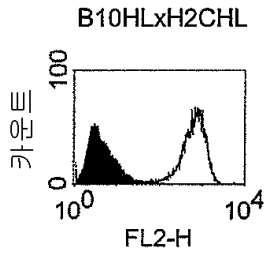
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



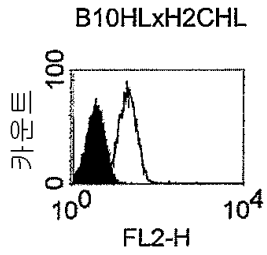
짧은꼬리 원숭이 PBMC



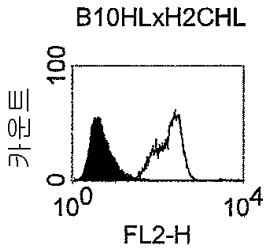
인간 CD33 형질감염된 CHO



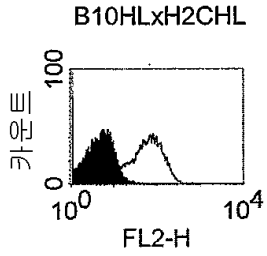
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

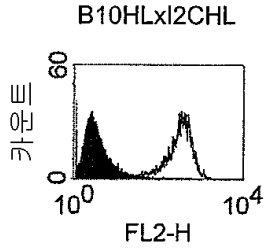


짧은꼬리 원숭이 PBMC

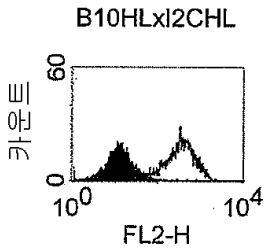


도면29h

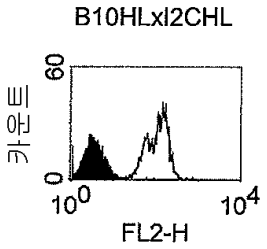
인간 CD33 형질감염된 CHO



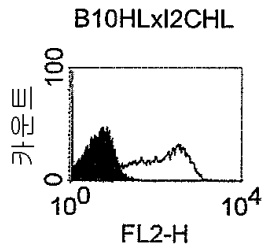
HPB-ALL



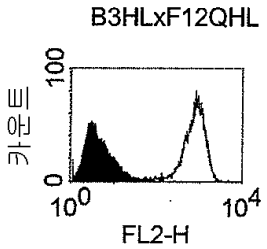
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



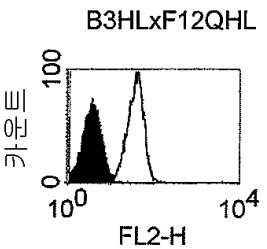
짧은꼬리 원숭이 PBMC



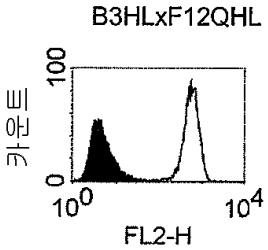
인간 CD33 형질감염된 CHO



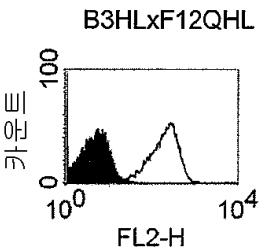
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

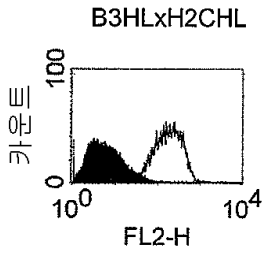


짧은꼬리 원숭이 PBMC

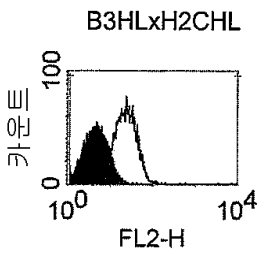


도면29i

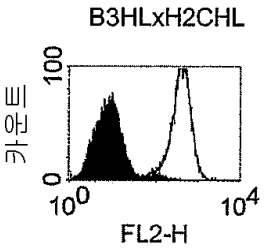
인간 CD33 형질감염된 CHO



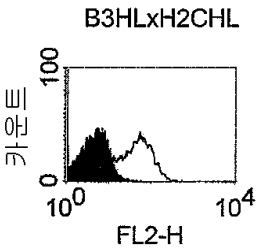
HPB-ALL



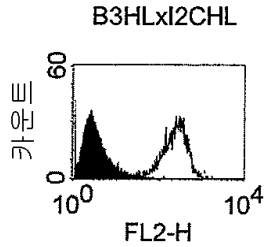
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



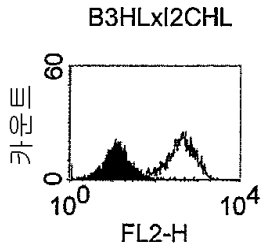
짧은꼬리 원숭이 PBMC



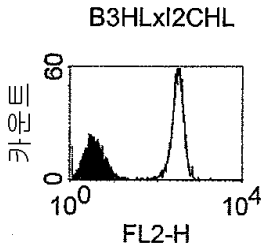
인간 CD33 형질감염된 CHO



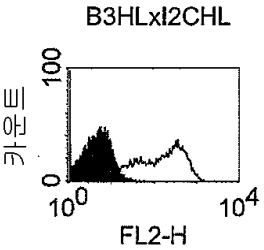
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

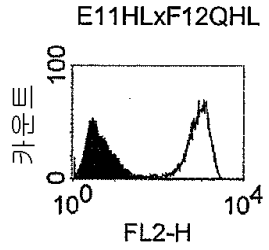


짧은꼬리 원숭이 PBMC

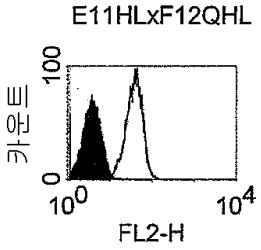


도면29j

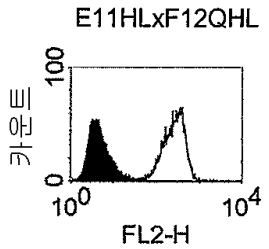
인간 CD33 형질감염된 CHO



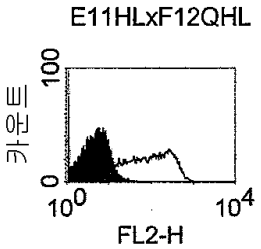
HPB-ALL



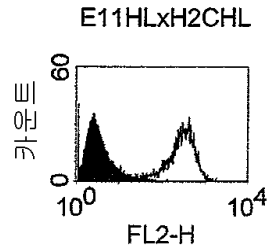
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



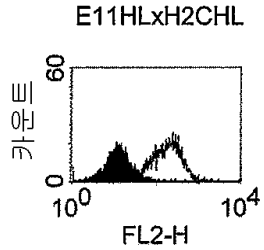
짧은꼬리 원숭이 PBMC



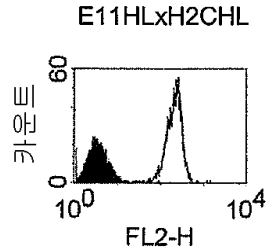
인간 CD33 형질감염된 CHO



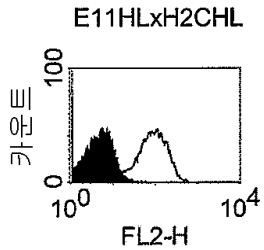
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

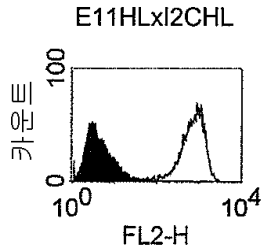


짧은꼬리 원숭이 PBMC

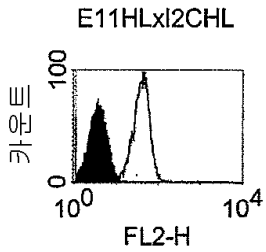


도면29k

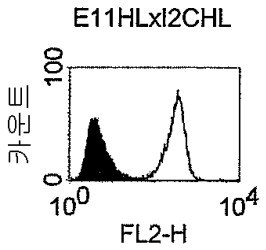
인간 CD33 형질감염된 CHO



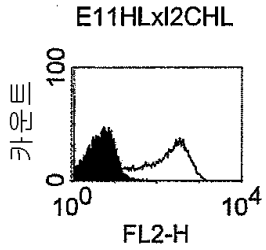
HPB-ALL



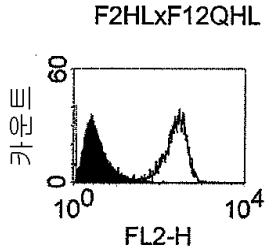
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



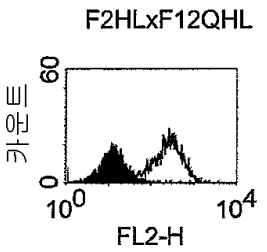
짧은꼬리 원숭이 PBMC



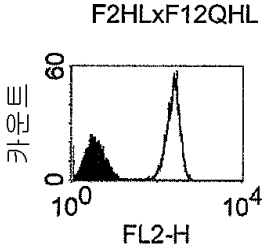
인간 CD33 형질감염된 CHO



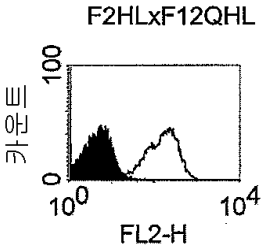
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

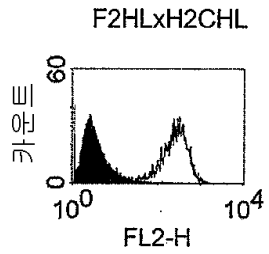


짧은꼬리 원숭이 PBMC

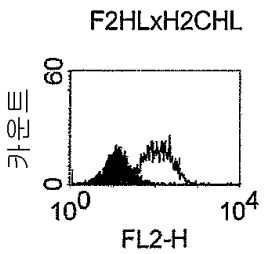


도면291

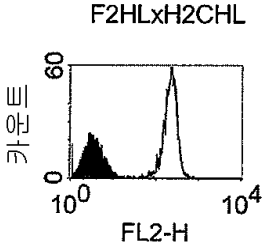
인간 CD33 형질감염된 CHO



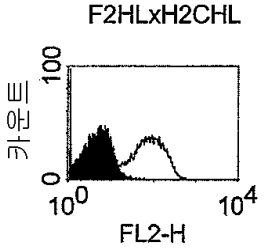
HPB-ALL



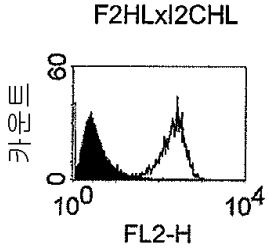
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



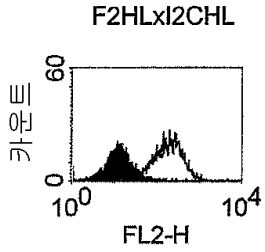
짧은꼬리 원숭이 PBMC



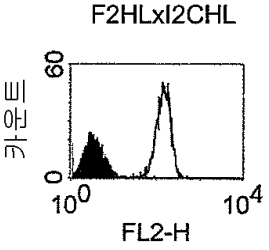
인간 CD33 형질감염된 CHO



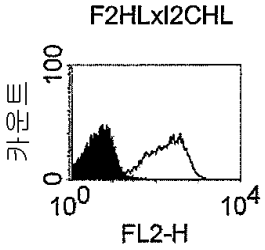
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

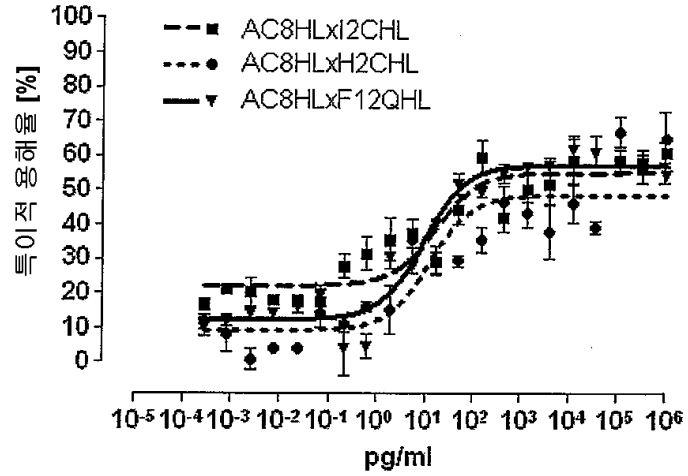


짧은꼬리 원숭이 PBMC

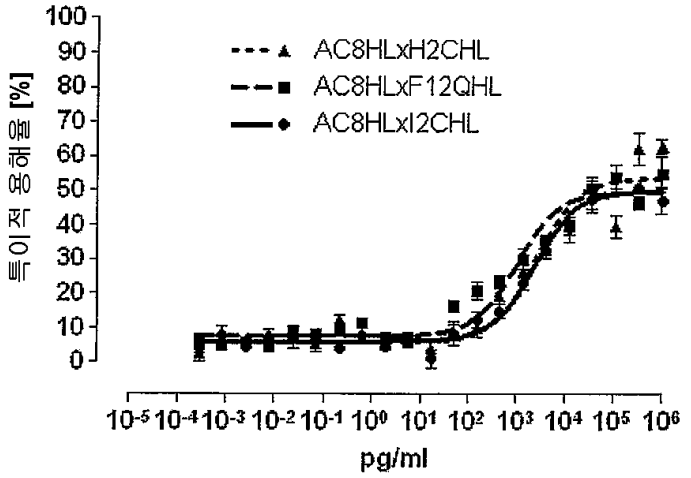


도면30a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO

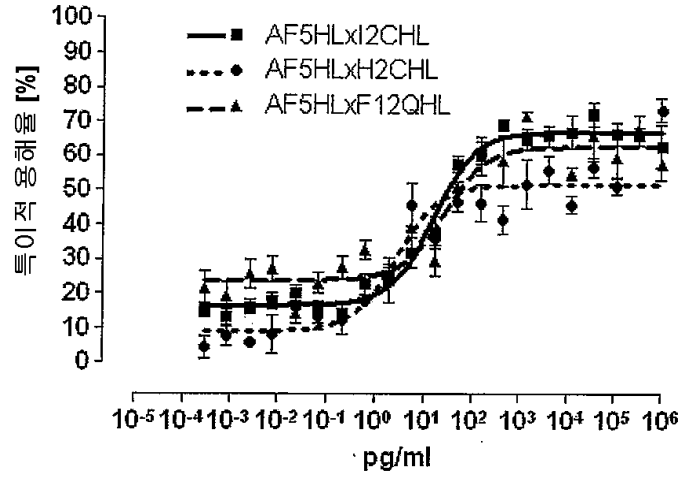


이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO

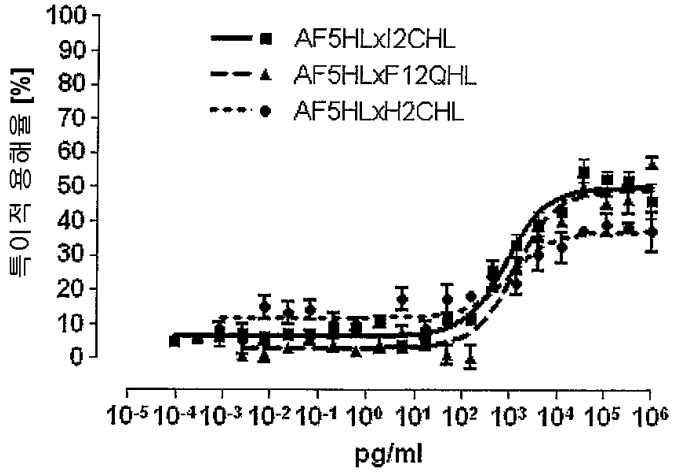


도면30b

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO

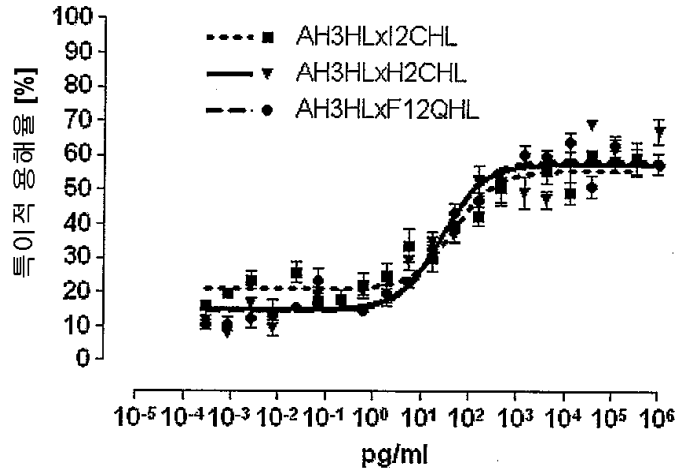


이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO

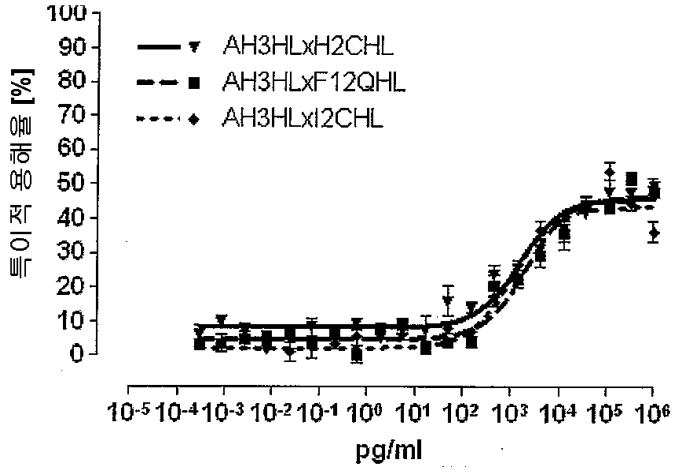


도면30c

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO

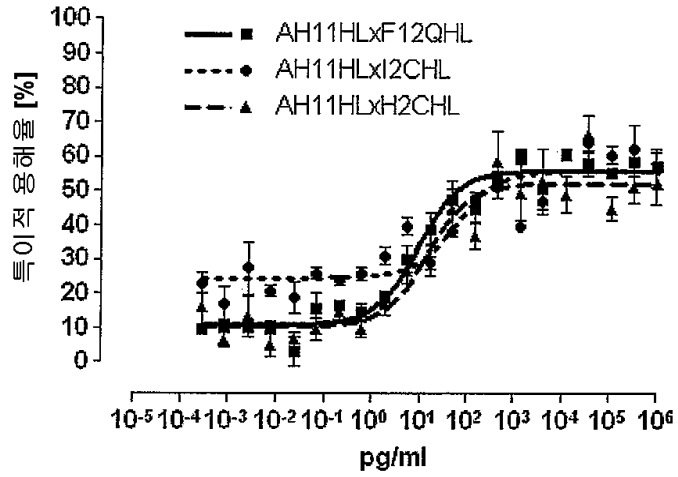


이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO

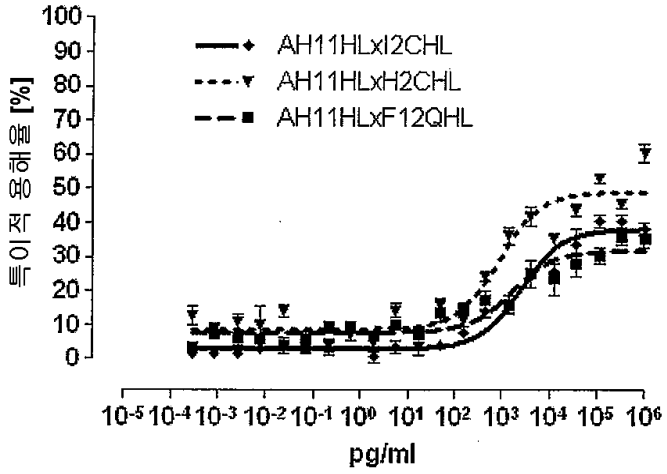


도면30d

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO

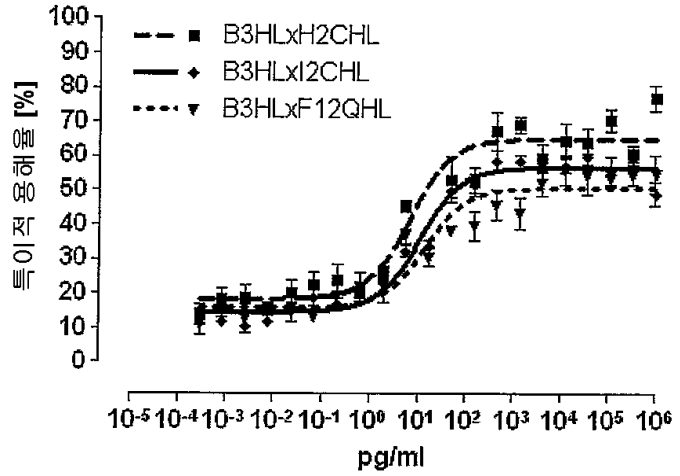


이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO

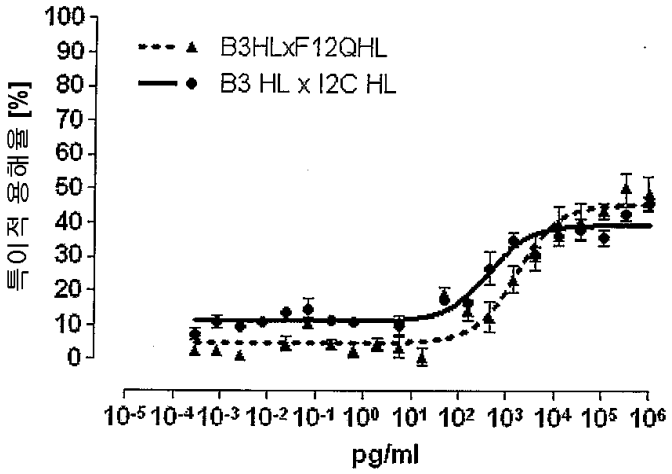


도면30e

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO

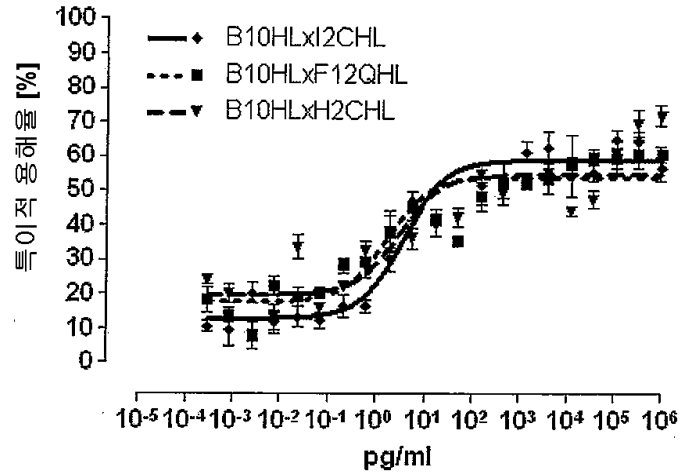


이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO

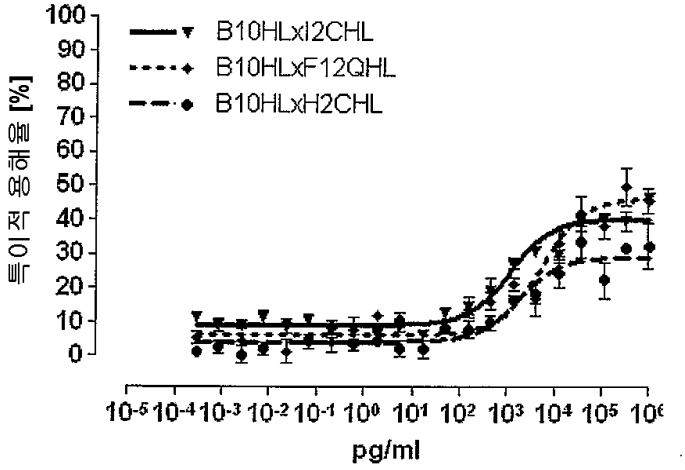


도면30f

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO

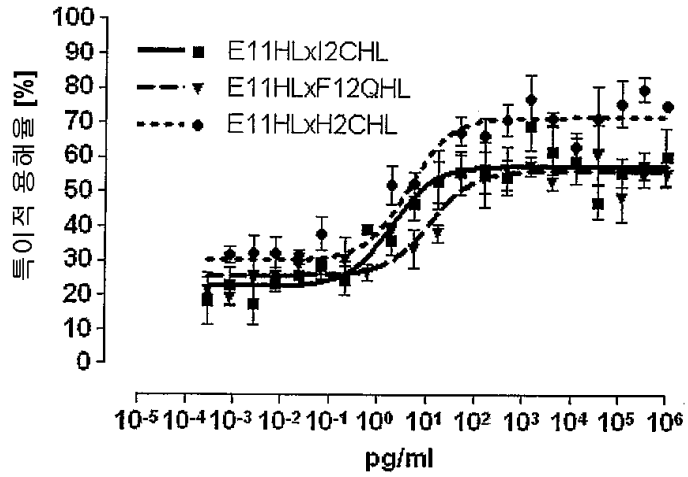


이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO

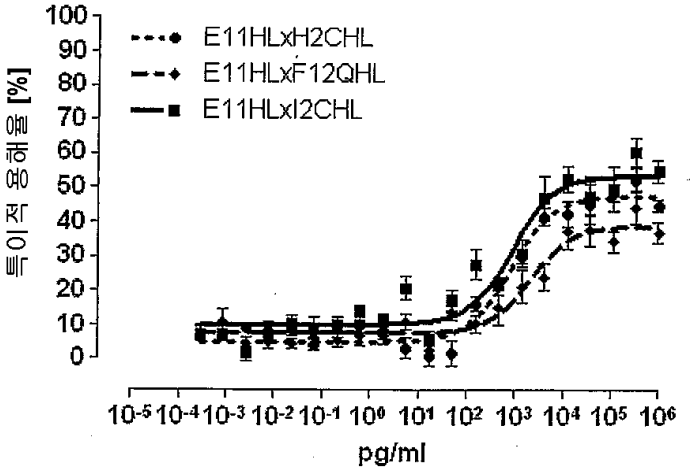


도면30g

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO

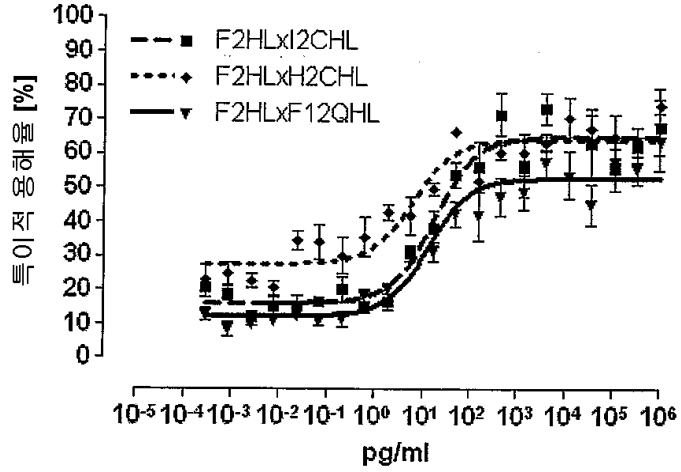


이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO

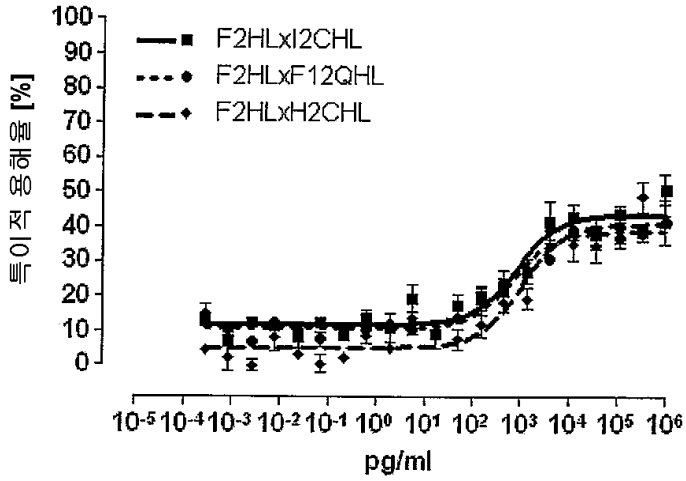


도면30h

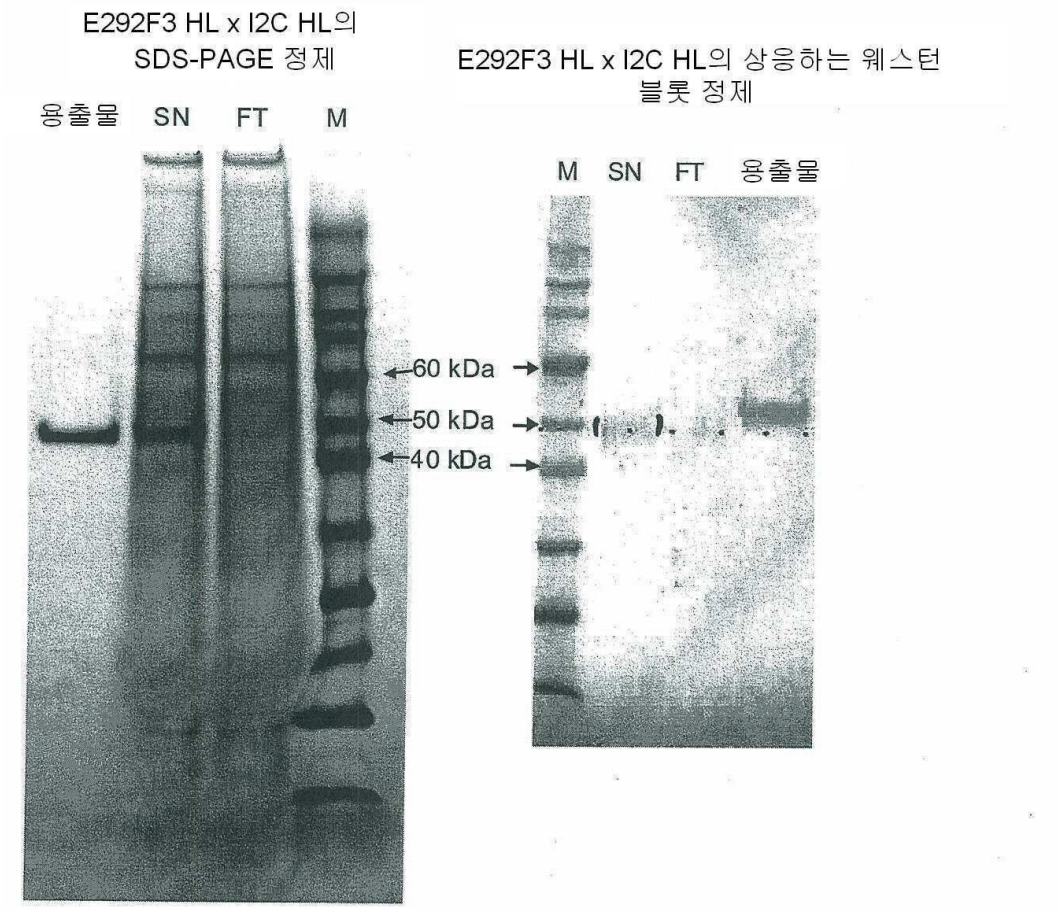
이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56 고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO



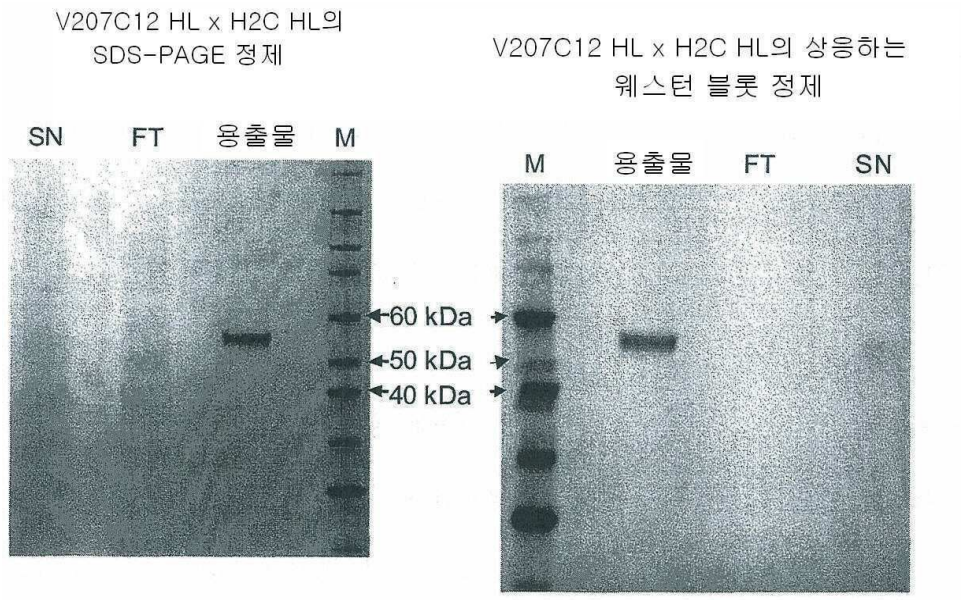
이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO



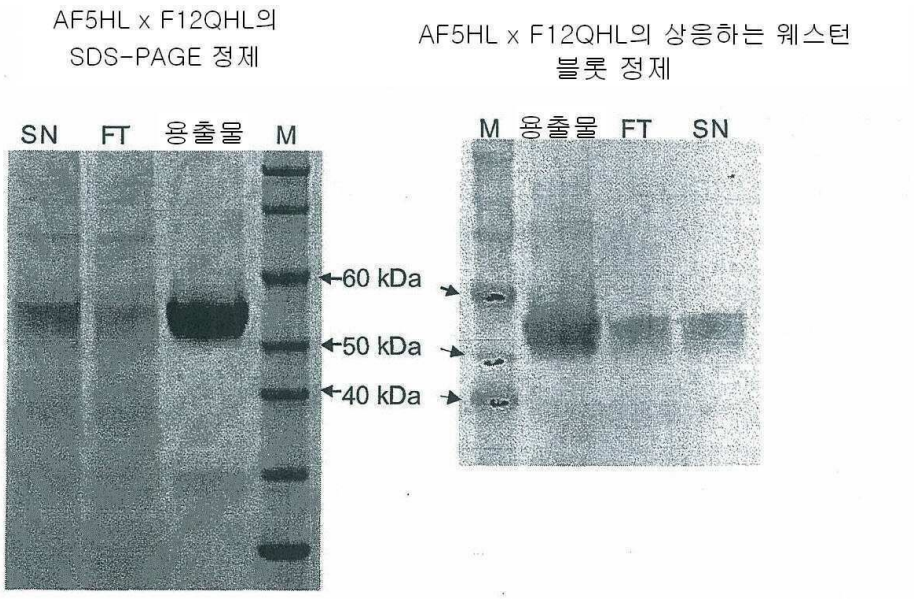
도면31


E292F3 HL x I2C HL의
SDS-PAGE 정제
용출물
SN
FT
M
60 kDa
50 kDa
40 kDa
E292F3 HL x I2C HL의 상응하는 웨스턴
블롯 정제
M
SN
FT
용출물

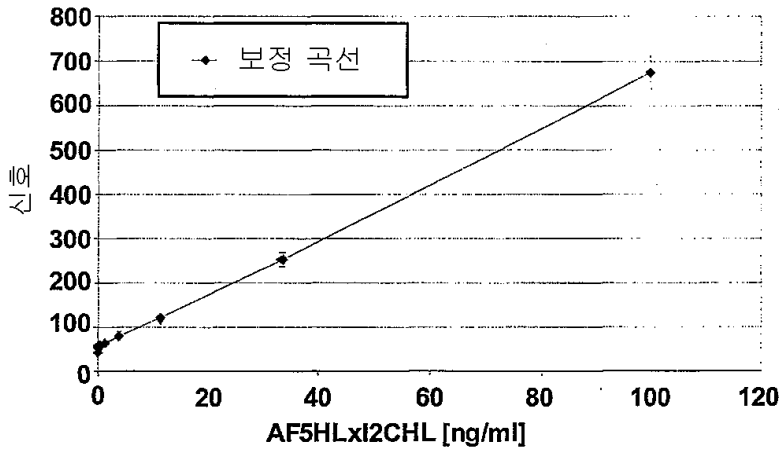
도면32

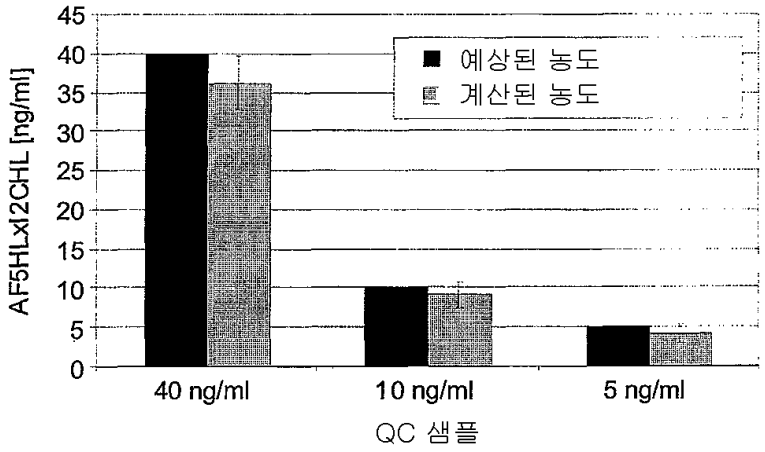

V207C12 HL x H2C HL의
SDS-PAGE 정제
SN
FT
용출물
M
60 kDa
50 kDa
40 kDa
V207C12 HL x H2C HL의 상응하는
웨스턴 블롯 정제
M
용출물
FT
SN

도면33

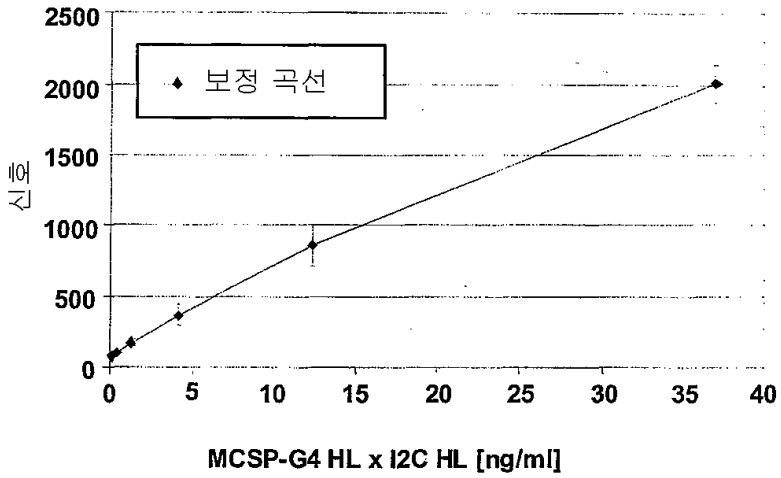

AF5HL x F12QHL의
SDS-PAGE 정제
AF5HL x F12QHL의 상응하는 웨스턴
블롯 정제
SN
FT
용출물
M
60 kDa
50 kDa
40 kDa
M
용출물
FT
SN

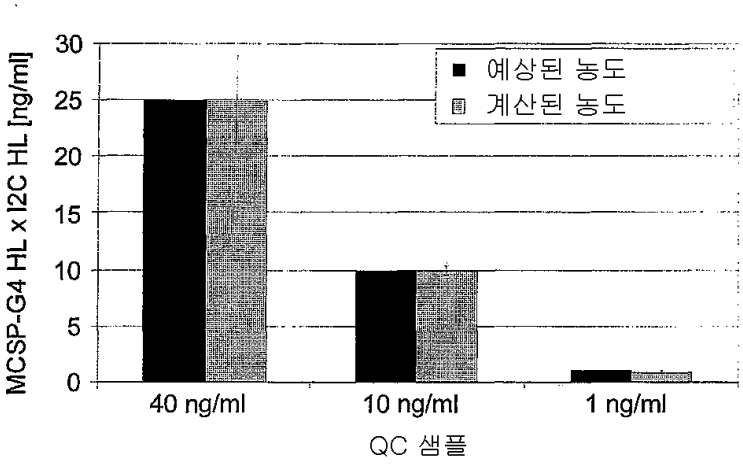
도면34


보정 곡선
신호
AF5HLxI2CHL [ng/ml]
0
100
200
300
400
500
600
700
800
0
20
40
60
80
100
120

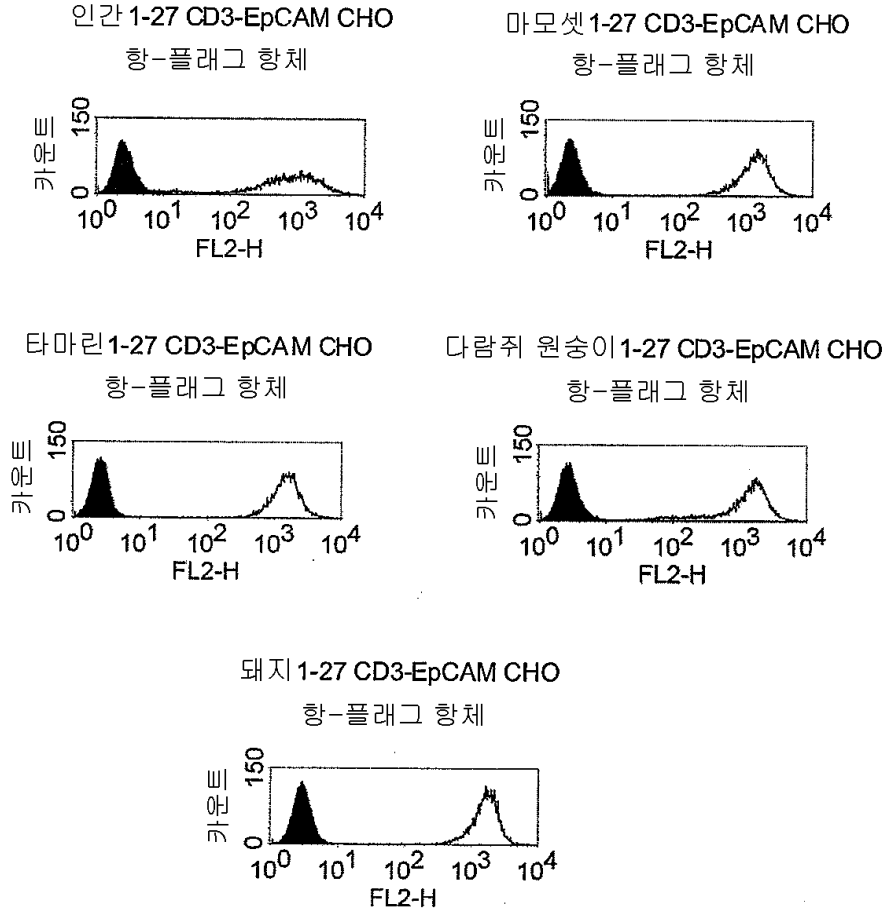

예상된 농도
계산된 농도
AF5HLxI2CHL [ng/ml]
0
5
10
15
20
25
30
35
40
45
40 ng/ml
10 ng/ml
5 ng/ml
QC 샘플

도면35

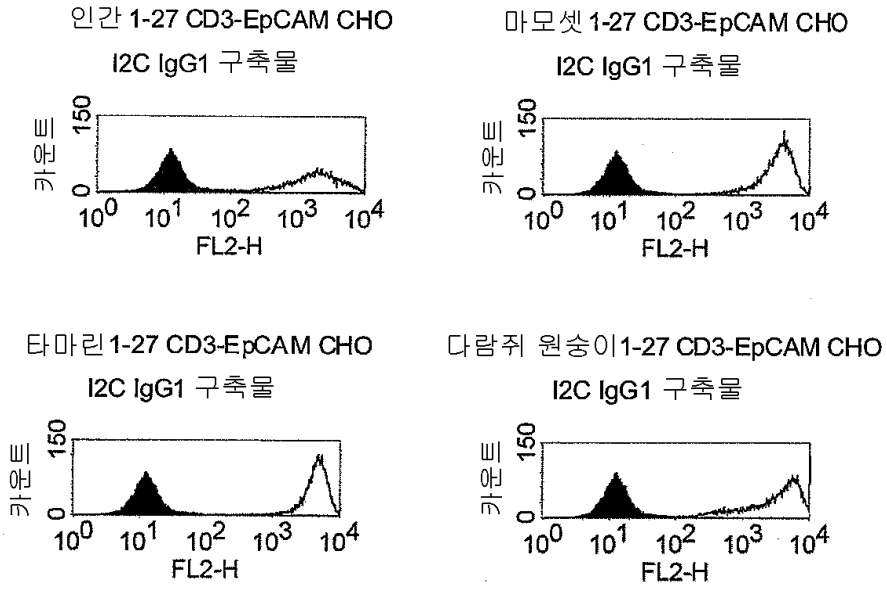

2500
2000
1500
1000
500
0
신호
보정 곡선
0
5
10
15
20
25
30
35
40
MCSP-G4 HL x I2C HL [ng/ml]


30
25
20
15
10
5
0
MCSP-G4 HL x I2C HL [ng/ml]
예상된 농도
계산된 농도
40 ng/ml
10 ng/ml
1 ng/ml
QC 샘플

도면36


인간 1-27 CD3-EpCAM CHO
항-플래그 항체
마모셋 1-27 CD3-EpCAM CHO
항-플래그 항체
타마린 1-27 CD3-EpCAM CHO
항-플래그 항체
다람쥐 원숭이 1-27 CD3-EpCAM CHO
항-플래그 항체
돼지 1-27 CD3-EpCAM CHO
항-플래그 항체
카운트
150
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

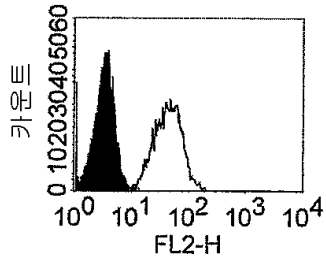
도면37


인간 1-27 CD3-EpCAM CHO
I2C IgG1 구축물
마모셋 1-27 CD3-EpCAM CHO
I2C IgG1 구축물
타마린 1-27 CD3-EpCAM CHO
I2C IgG1 구축물
다람쥐 원숭이 1-27 CD3-EpCAM CHO
I2C IgG1 구축물
카운트
150
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면38

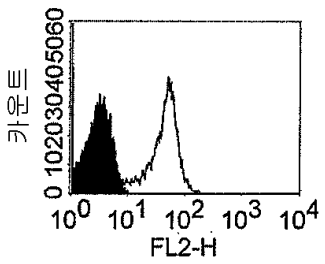
EL4에서 인간 CD3-WT

UCHT1



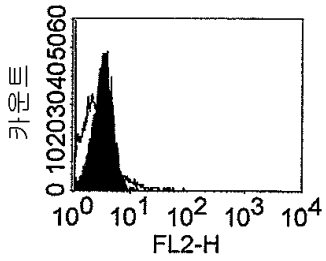
EL4에서 인간 CD3-H6

UCHT1



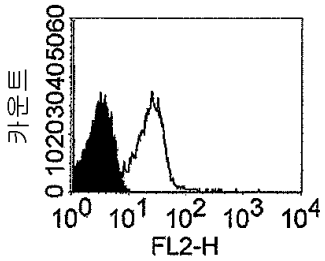
EL4에서 인간 CD3-WT

항-His 태그



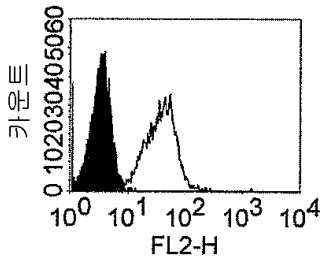
EL4에서 인간 CD3-H6

항-His 태그



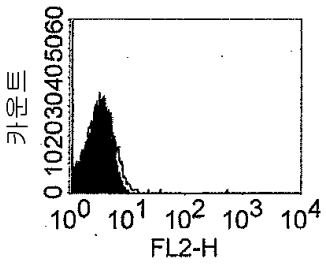
EL4에서 인간 CD3-WT

I2C IgG1

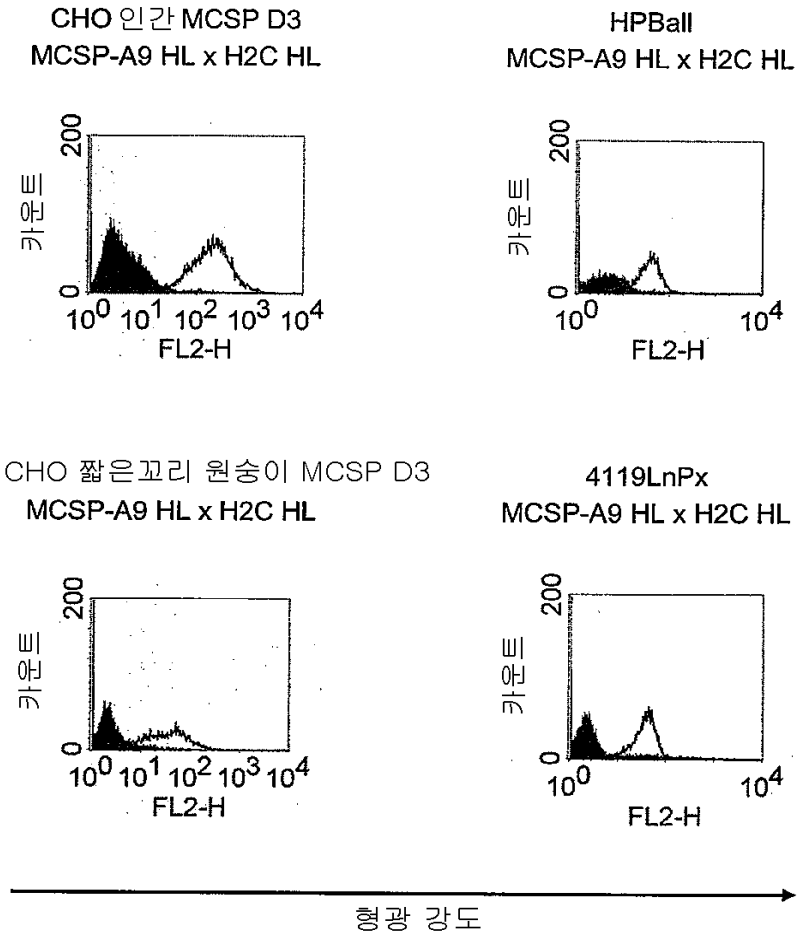


EL4에서 인간 CD3-H6

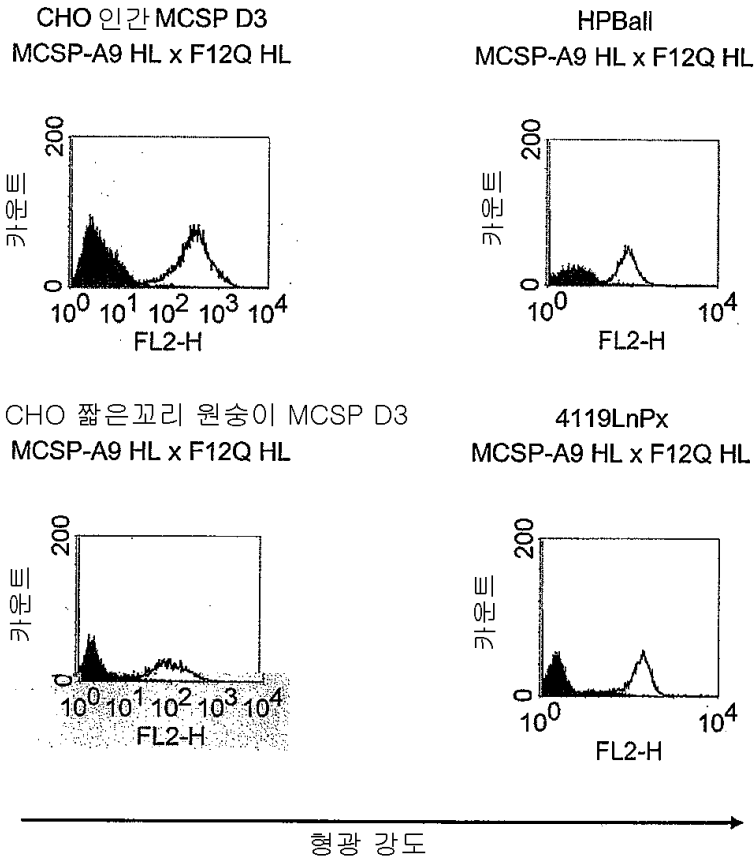
I2C IgG1



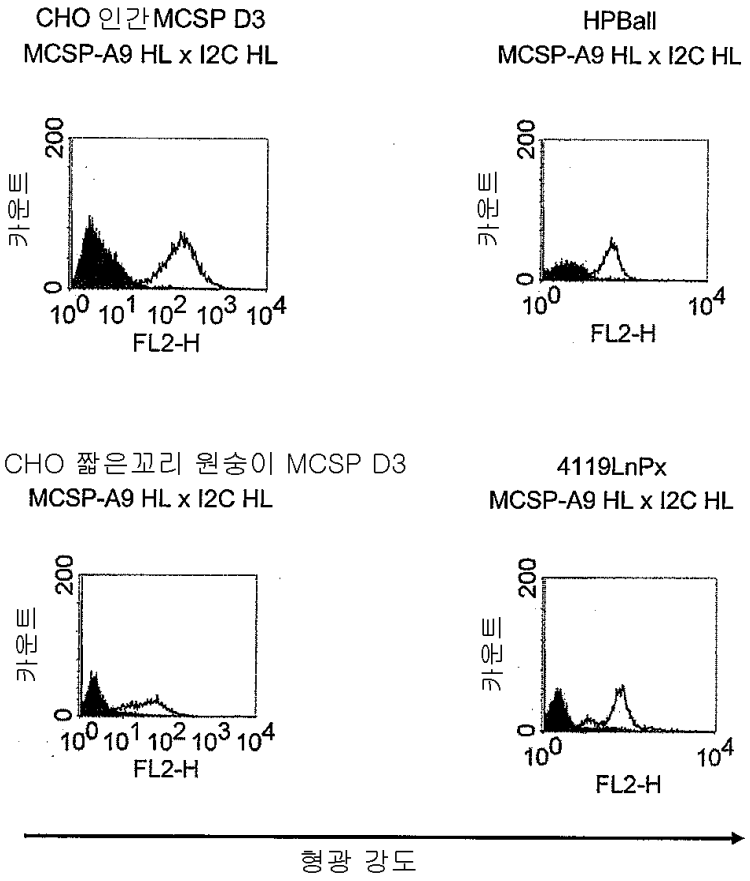
도면39a


CHO 인간 MCSP D3
MCSP-A9 HL x H2C HL
HPBall
MCSP-A9 HL x H2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MCSP-A9 HL x H2C HL
4119LnPx
MCSP-A9 HL x H2C HL
카운트
200
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
형광 강도

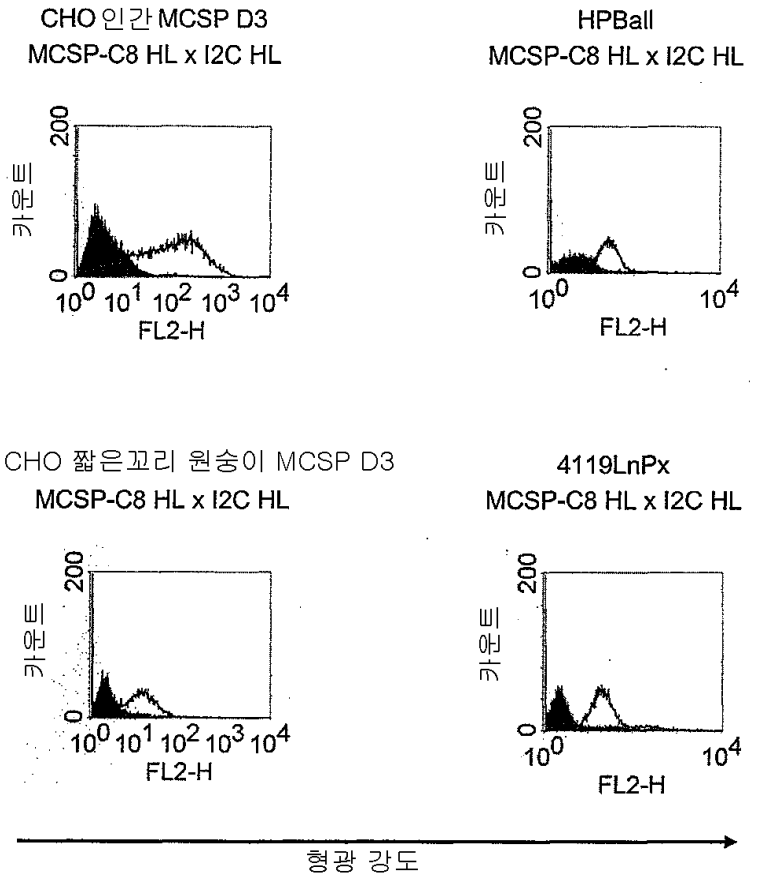
도면39b


CHO 인간 MCSP D3
MCSP-A9 HL x F12Q HL
HPBall
MCSP-A9 HL x F12Q HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MCSP-A9 HL x F12Q HL
4119LnPx
MCSP-A9 HL x F12Q HL
카운트
200
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
형광 강도

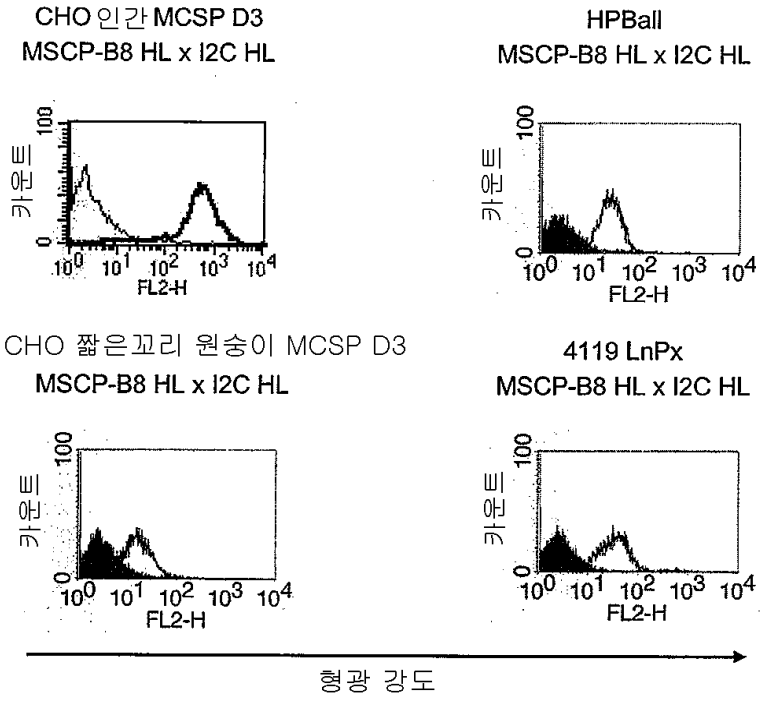
도면39c


CHO 인간MCSP D3
MCSP-A9 HL x I2C HL
HPBall
MCSP-A9 HL x I2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MCSP-A9 HL x I2C HL
4119LnPx
MCSP-A9 HL x I2C HL
카운트
200
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
형광 강도

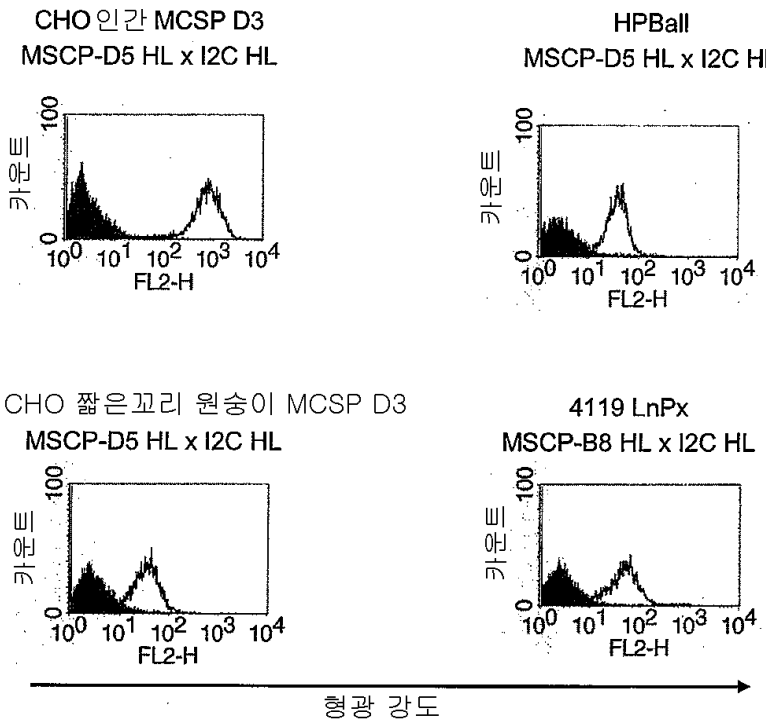
도면39d


CHO 인간 MCSP D3
MCSP-C8 HL x I2C HL
HPBall
MCSP-C8 HL x I2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MCSP-C8 HL x I2C HL
4119LnPx
MCSP-C8 HL x I2C HL
카운트
200
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
형광 강도

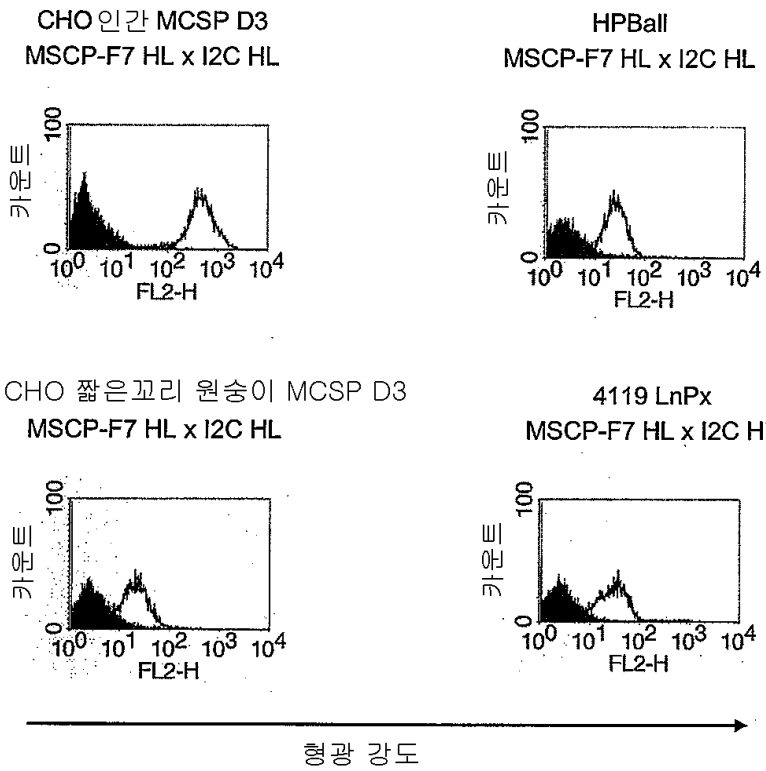
도면39e


CHO 인간 MCSP D3
MSCP-B8 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-B8 HL x I2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MSCP-B8 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-B8 HL x I2C HL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
형광 강도

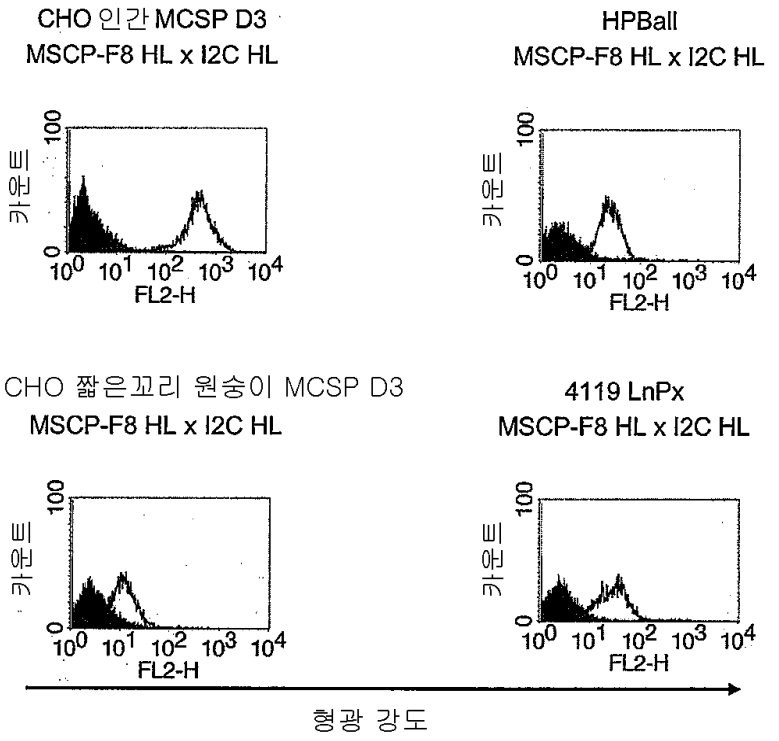
도면39f


CHO 인간 MCSP D3
MSCP-D5 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-D5 HL x I2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MSCP-D5 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-B8 HL x I2C HL
카운트
FL2-H
형광 강도

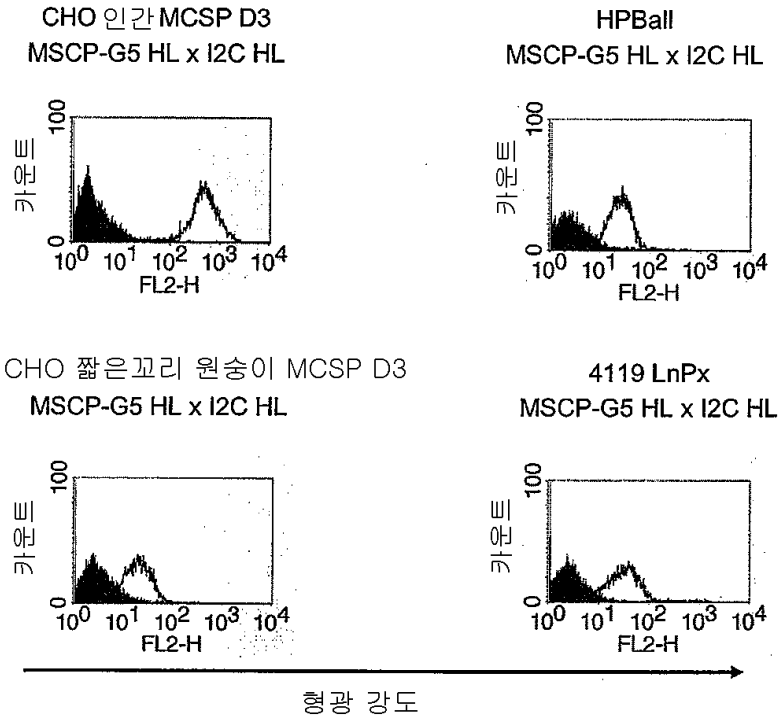
도면39g


CHO 인간 MCSP D3
MSCP-F7 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-F7 HL x I2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MSCP-F7 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-F7 HL x I2C HL
카운트
FL2-H
형광 강도

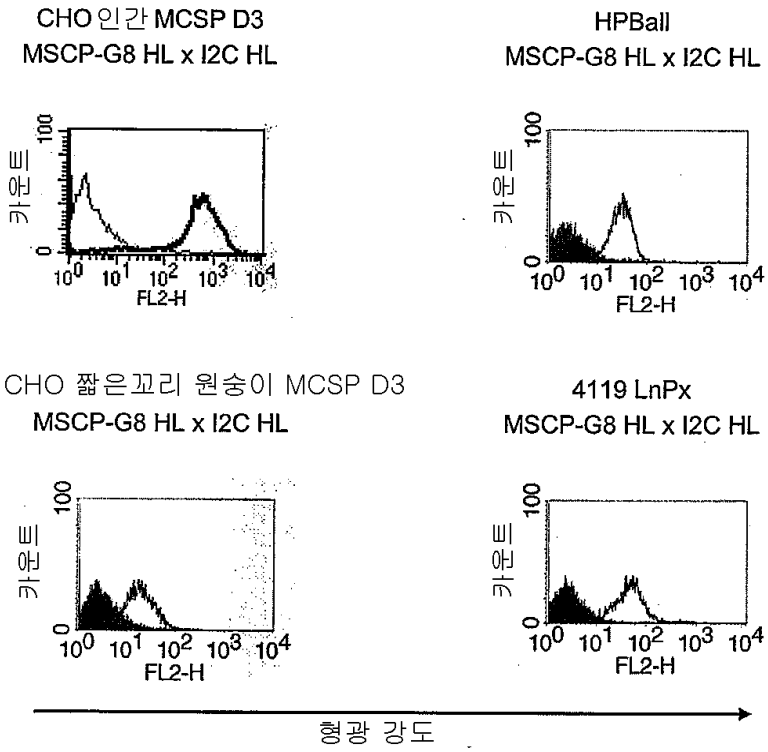
도면39h


CHO 인간 MCSP D3
MSCP-F8 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-F8 HL x I2C HL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MSCP-F8 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-F8 HL x I2C HL
형광 강도

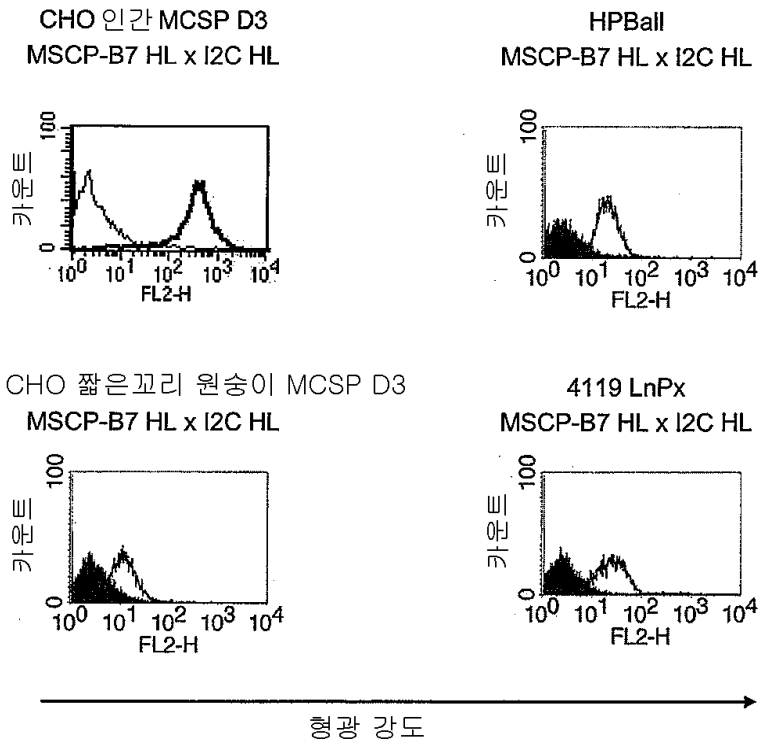
도면39i


CHO 인간 MCSP D3
MSCP-G5 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-G5 HL x I2C HL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MSCP-G5 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-G5 HL x I2C HL
형광 강도

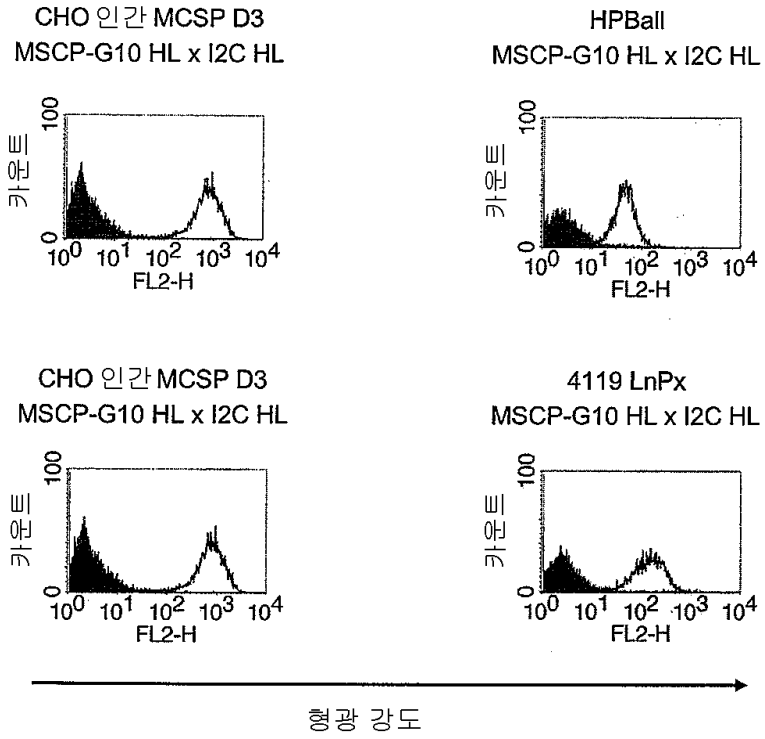
도면39j


CHO 인간 MCSP D3
MSCP-G8 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-G8 HL x I2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MSCP-G8 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-G8 HL x I2C HL
카운트
FL2-H
형광 강도

도면39k

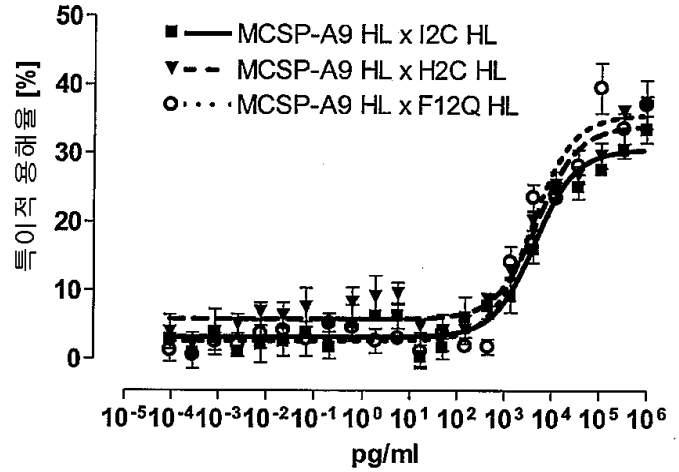

CHO 인간 MCSP D3
MSCP-B7 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-B7 HL x I2C HL
CHO 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3
MSCP-B7 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-B7 HL x I2C HL
카운트
FL2-H
형광 강도

도면391

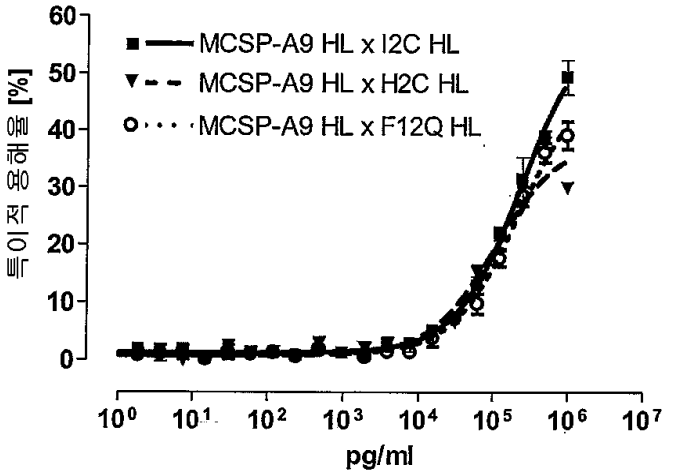

CHO 인간 MCSP D3
MSCP-G10 HL x I2C HL
HPBall
MSCP-G10 HL x I2C HL
CHO 인간 MCSP D3
MSCP-G10 HL x I2C HL
4119 LnPx
MSCP-G10 HL x I2C HL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
형광 강도

도면40a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

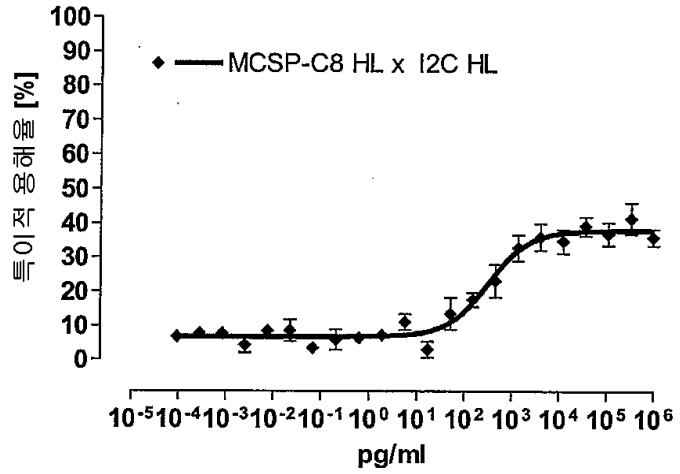


이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

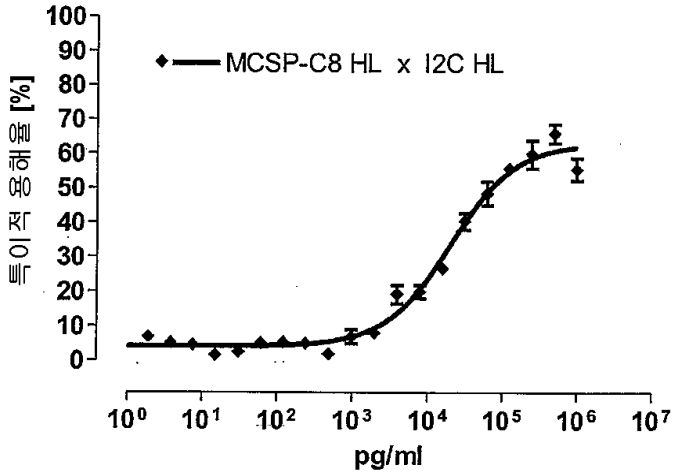


도면40b

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

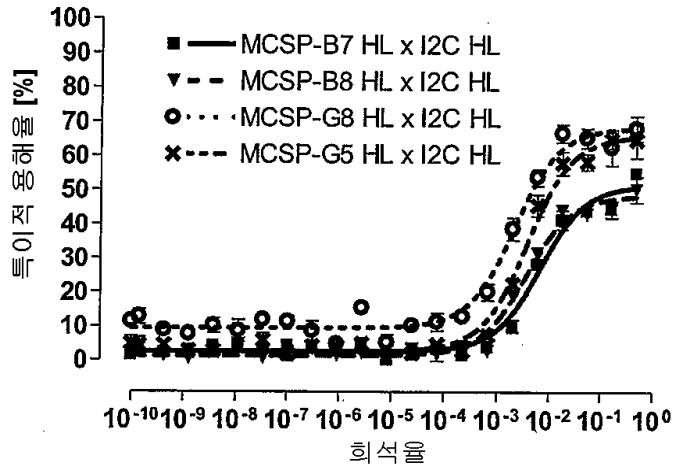


이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

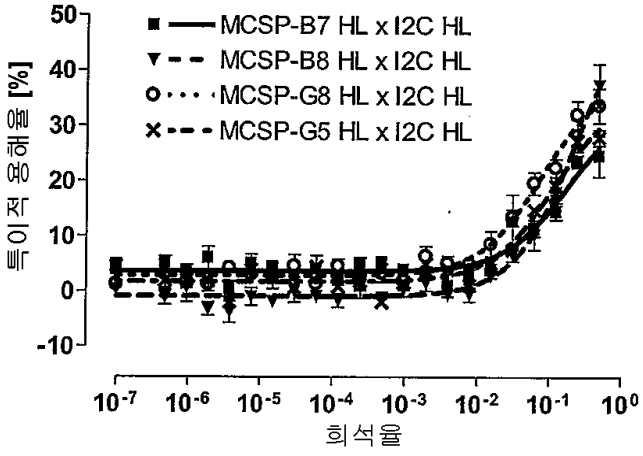


도면40c

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

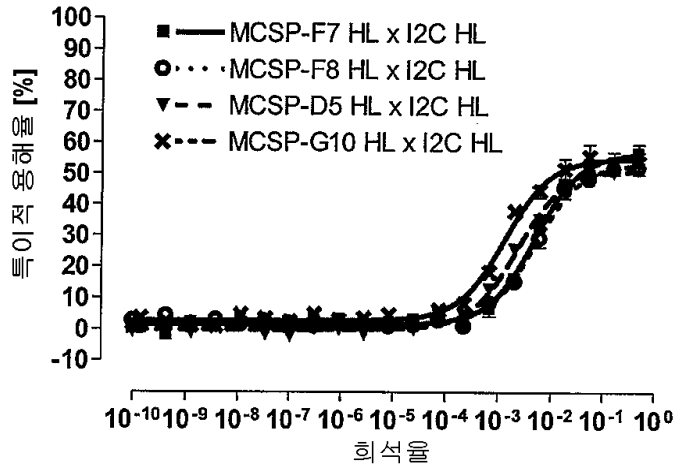


이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

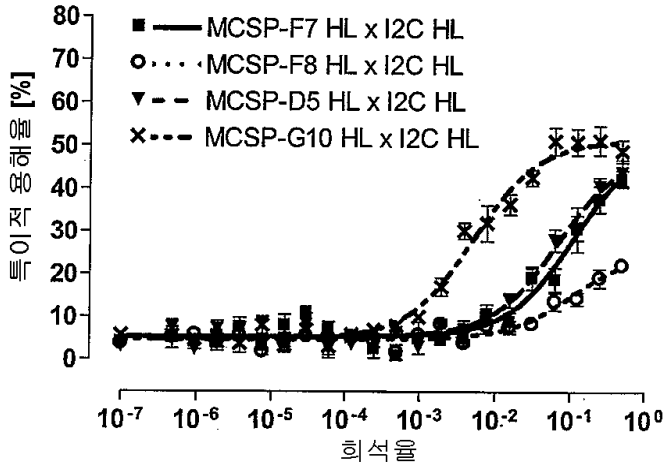


도면40d

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

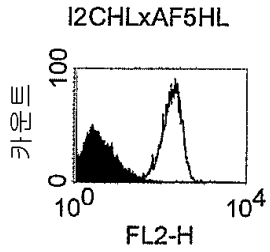


이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 MCSP D3으로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

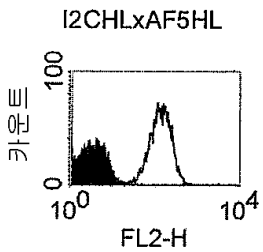


도면41a

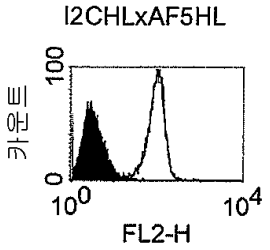
인간 CD33 형질감염된 CHO



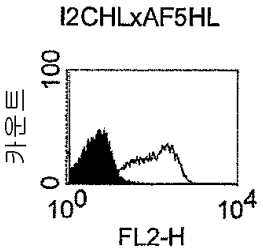
HPB-ALL



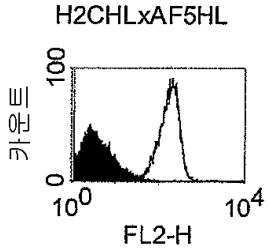
짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO



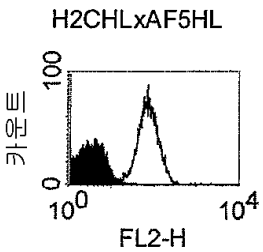
짧은꼬리 원숭이 PBM



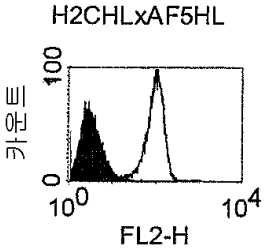
인간 CD33 형질감염된 CHO



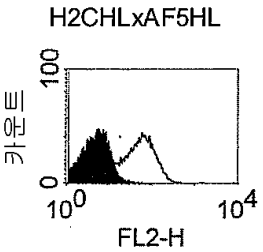
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

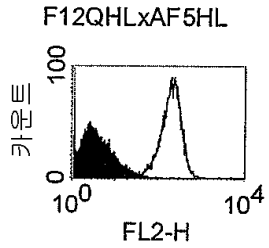


짧은꼬리 원숭이 PBM

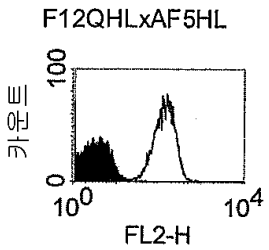


도면41b

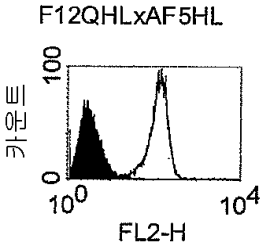
인간 CD33 형질감염된 CHO



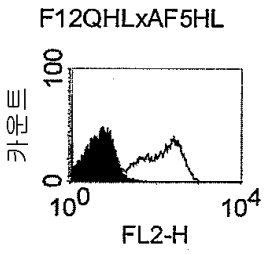
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 CD33 형질감염된 CHO

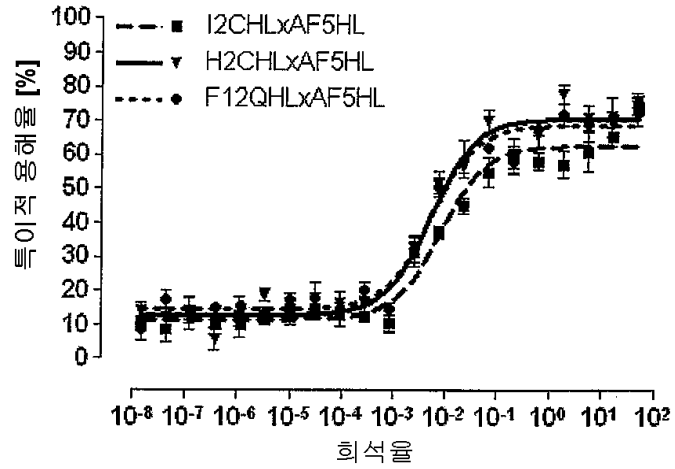


짧은꼬리 원숭이 PBM(

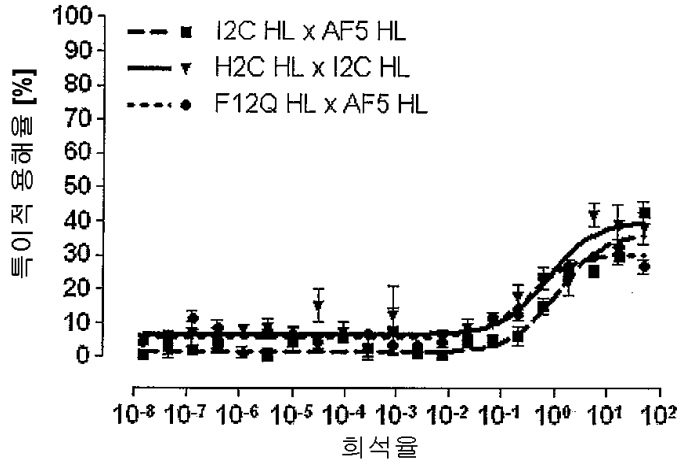


도면42

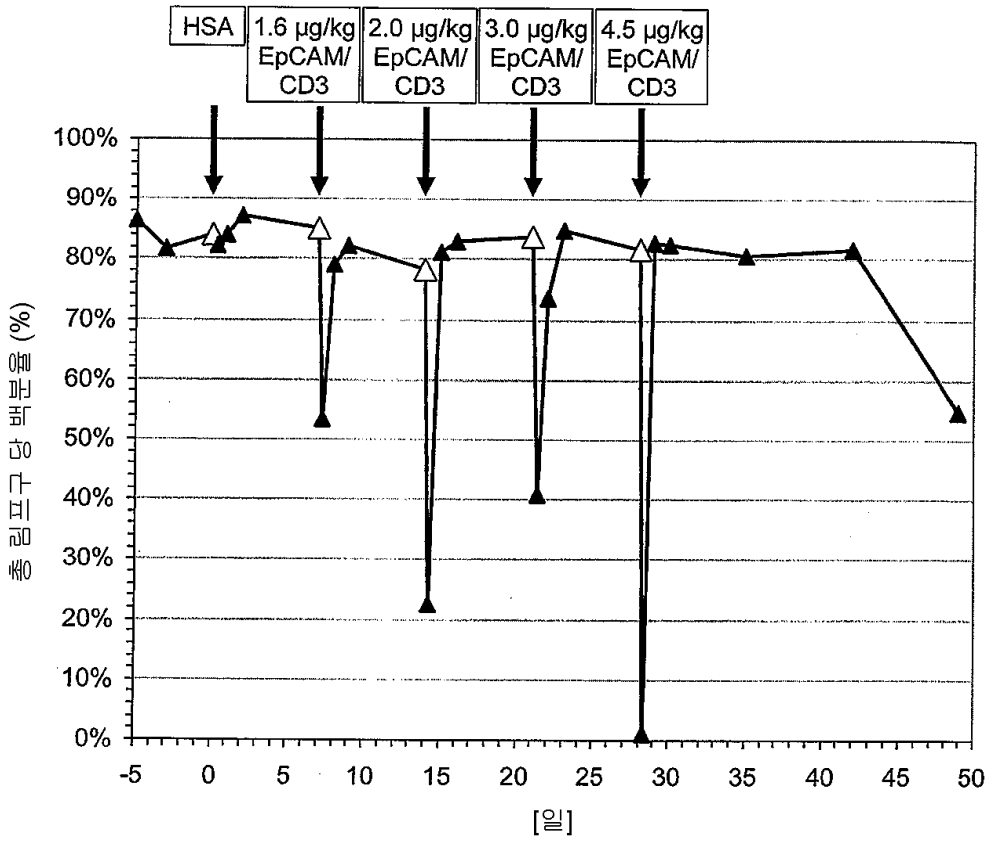
이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD33으로 형질감염된 CHO



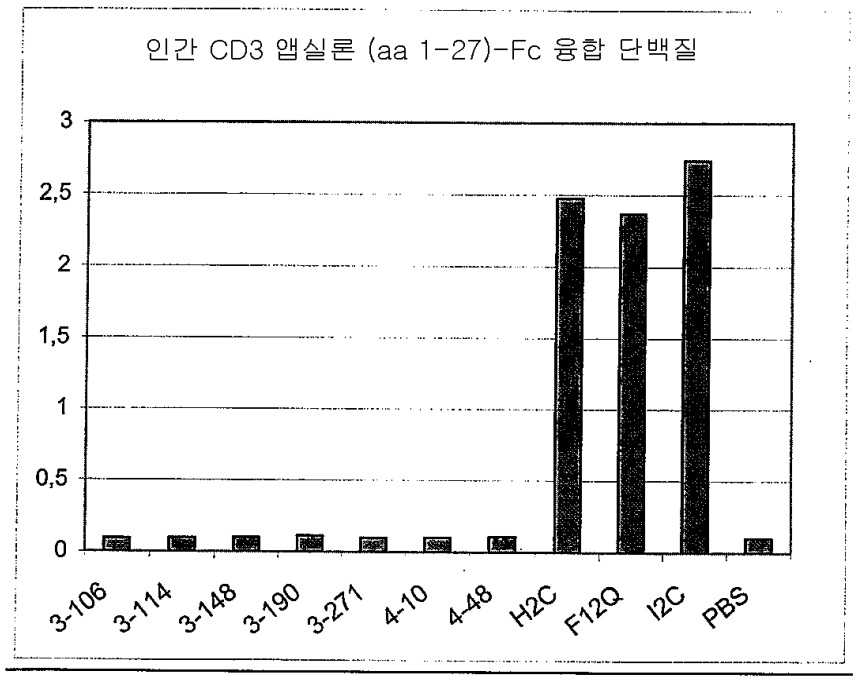
이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD33으로 형질감염된 CHO



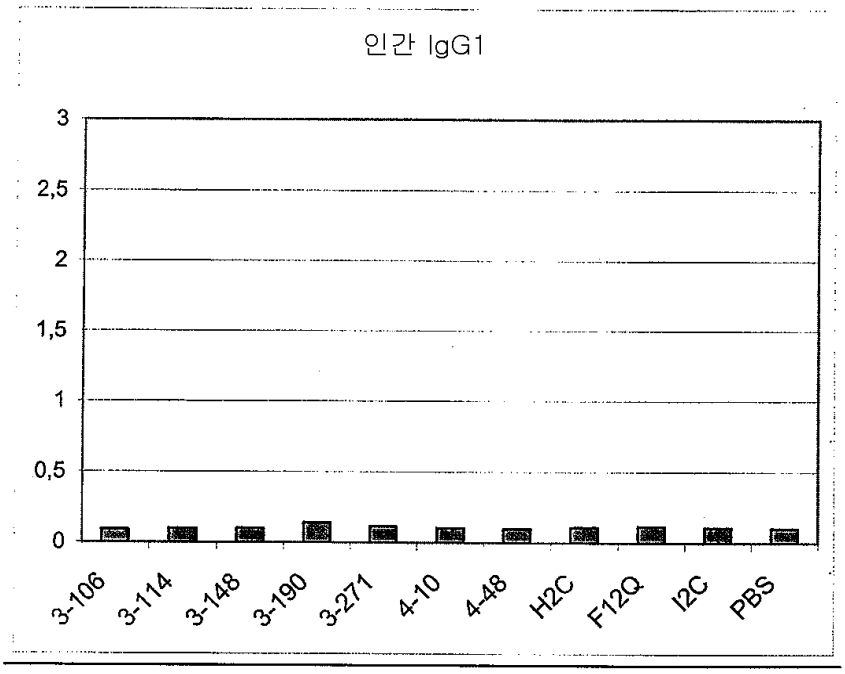
도면43


HSA
1.6 μg/kg EpCAM/ CD3
2.0 μg/kg EpCAM/ CD3
3.0 μg/kg EpCAM/ CD3
4.5 μg/kg EpCAM/ CD3
100%
90%
80%
70%
60%
50%
40%
30%
20%
10%
0%
총 림프구 당 백분율 (%)
-5
0
5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
[일]

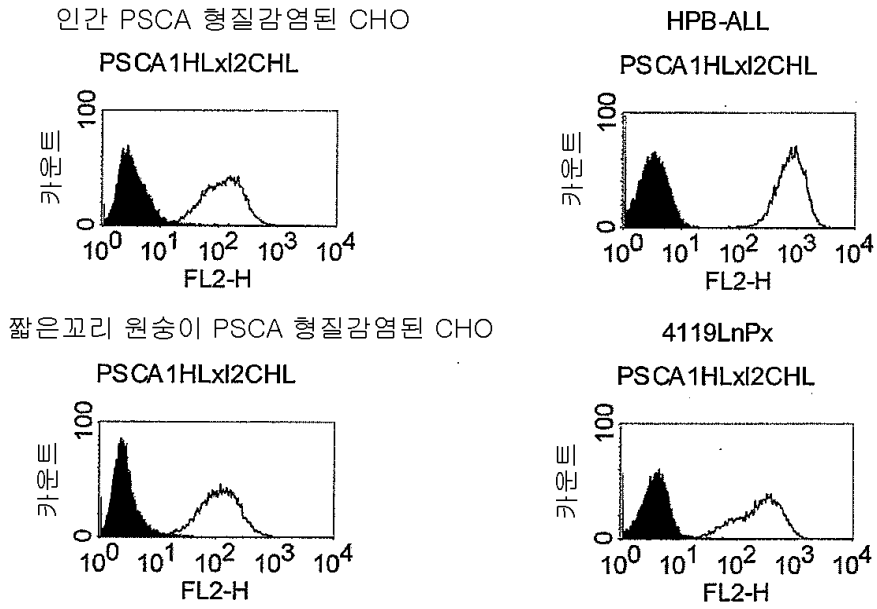
도면44


인간 CD3 앱실론 (aa 1-27)-Fc 융합 단백질
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
3-106
3-114
3-148
3-190
3-271
4-10
4-48
H2C
F12Q
I2C
PBS

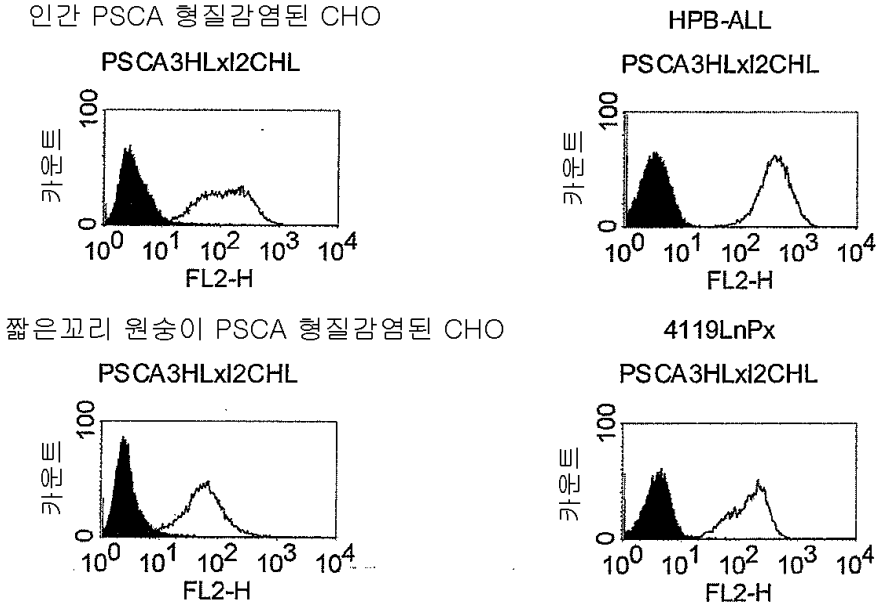
도면45


인간 IgG1
3
2,5
2
1,5
1
0,5
0
3-106
3-114
3-148
3-190
3-271
4-10
4-48
H2C
F12Q
I2C
PBS

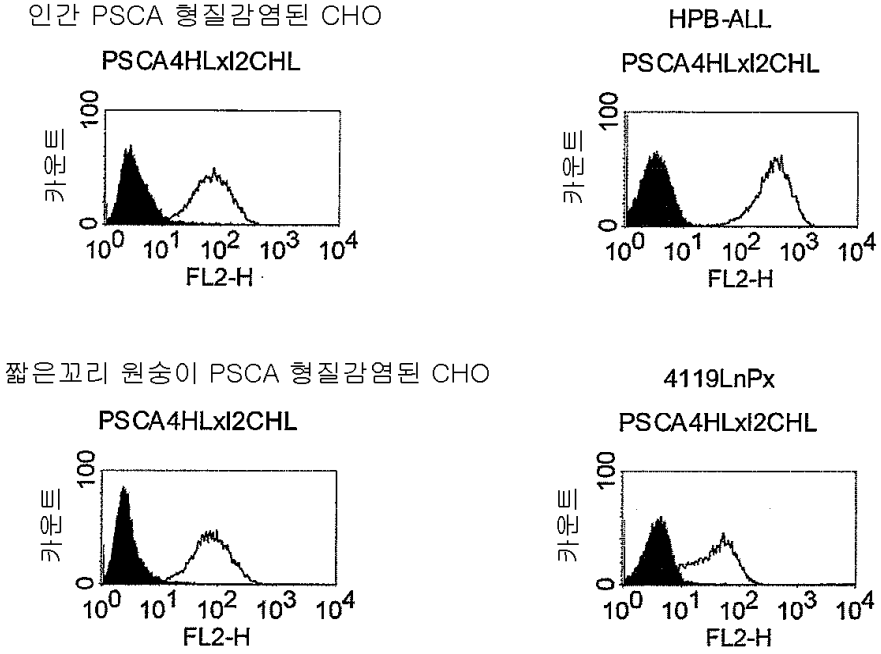
도면46a


인간 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA1HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
HPB-ALL
PSCA1HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA1HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
4119LnPx
PSCA1HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면46b

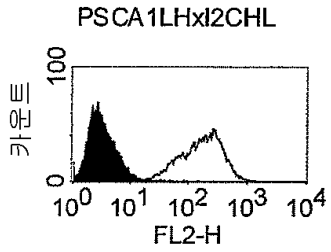

인간 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA3HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
HPB-ALL
PSCA3HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA3HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
4119LnPx
PSCA3HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면46c

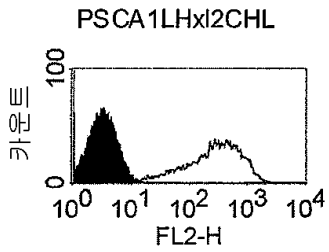

인간 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA4HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
HPB-ALL
PSCA4HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA4HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
4119LnPx
PSCA4HLxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면46d

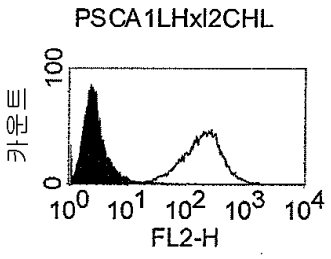
인간 PSCA 형질감염된 CHO



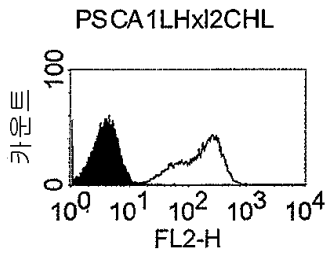
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염된 CHO

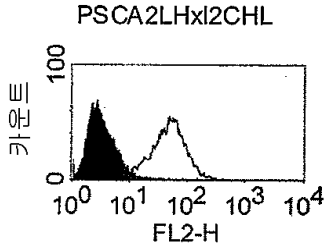


4119LnPx

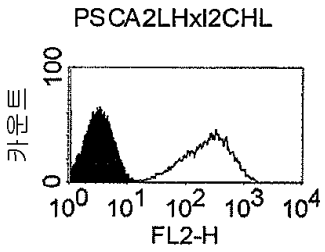


도면46e

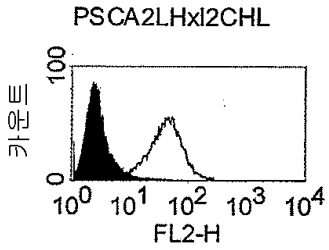
인간 PSCA 형질감염된 CHO



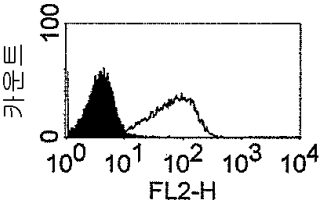
HPB-ALL



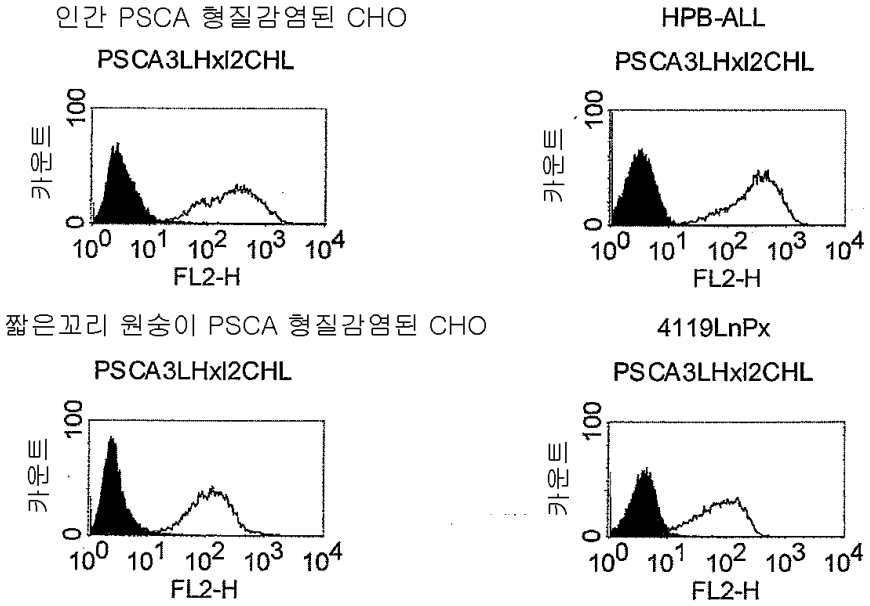
짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염된 CHO



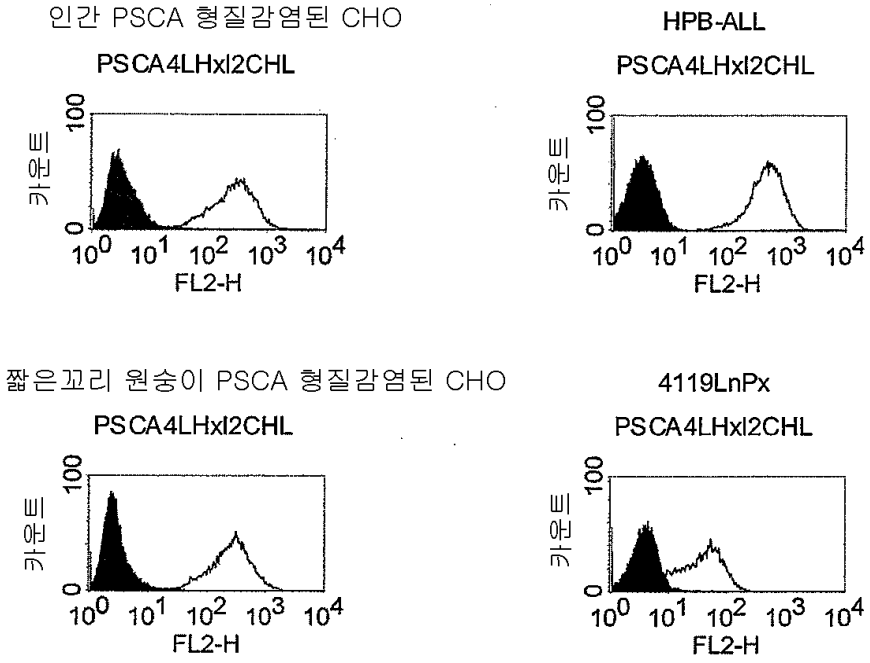
4119LnPx



도면46f

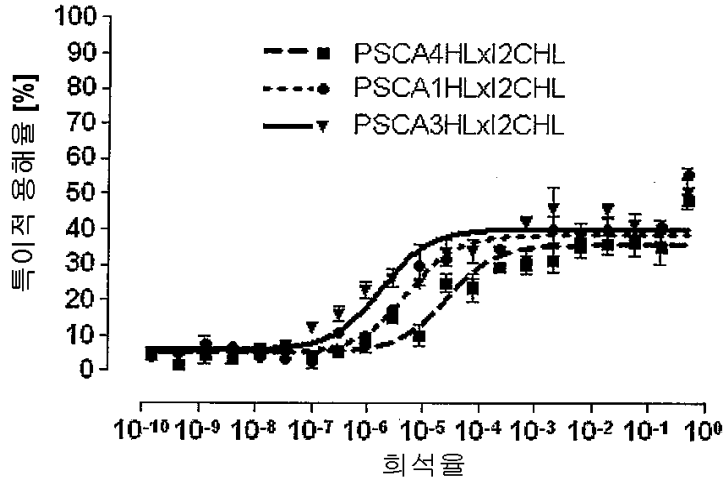

인간 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA3LHxI2CHL
HPB-ALL
PSCA3LHxI2CHL
짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA3LHxI2CHL
4119LnPx
PSCA3LHxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면46g

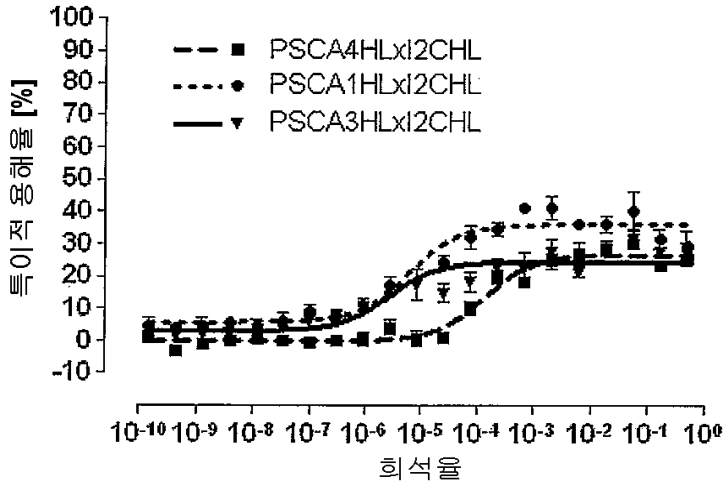

인간 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA4LHxI2CHL
HPB-ALL
PSCA4LHxI2CHL
짧은꼬리 원숭이 PSCA 형질감염된 CHO
PSCA4LHxI2CHL
4119LnPx
PSCA4LHxI2CHL
카운트
100
0
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면47a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 PSCA로 형질감염된 CHO



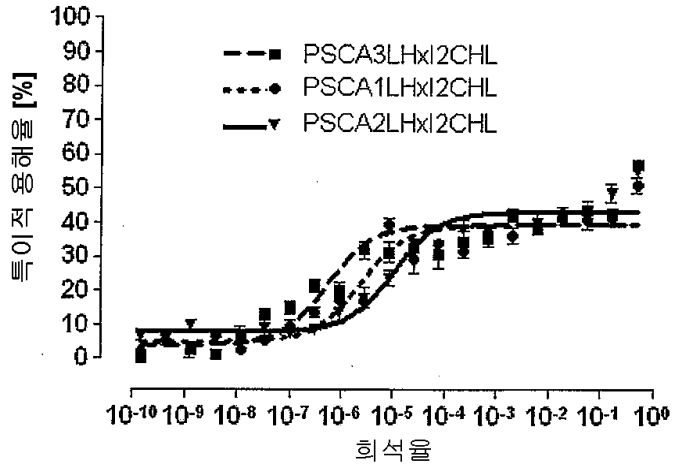
이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO



도면47b

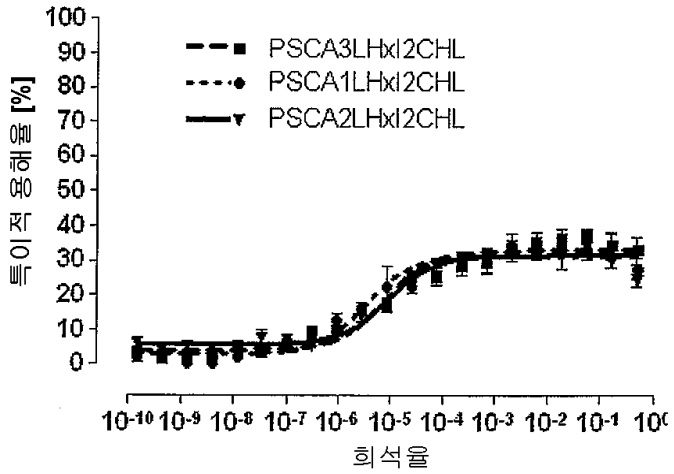
이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC

표적 세포: 인간 PSCA로 형질감염된 CHO



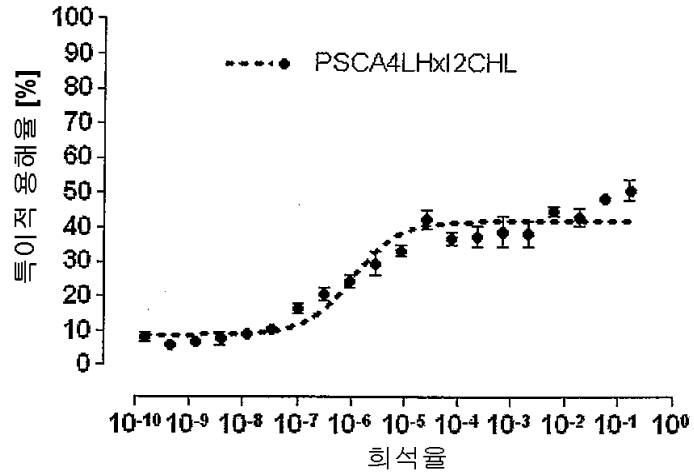
이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx

표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

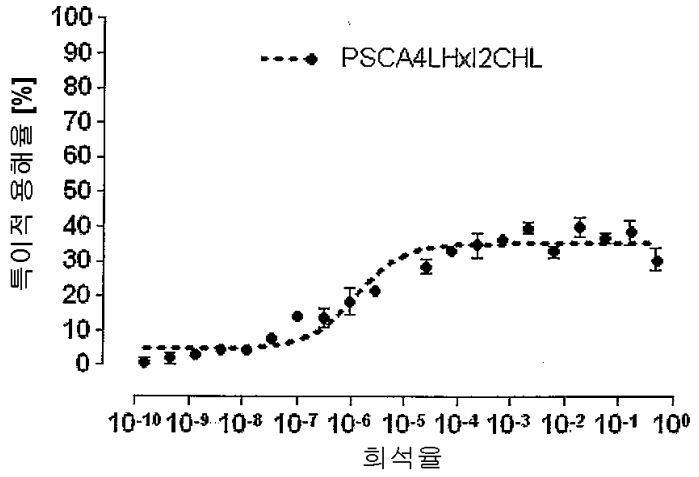


도면47c

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 PSCA로 형질감염된 CHO



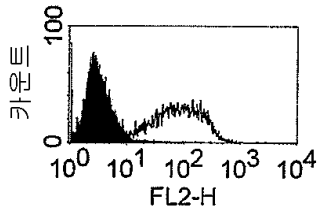
이펙터 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO



도면48a

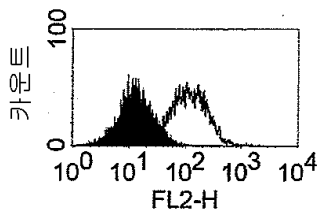
인간 PSCA로 형질감염된 CHO

PC16F5HLxI2CHL



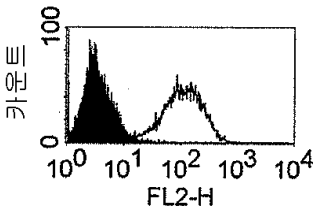
HPB-ALL

PC16F5HLxI2CHL



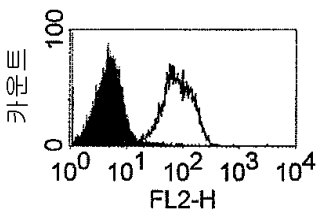
짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

PC16F5HLxI2CHL



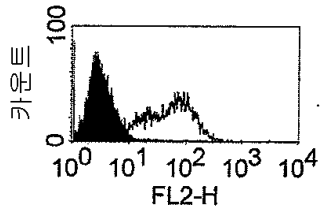
4119LnPx

PC16F5HLxI2CHL



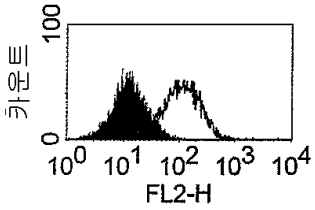
인간 PSCA로 형질감염된 CHO

PC17H10HLxI2CHL



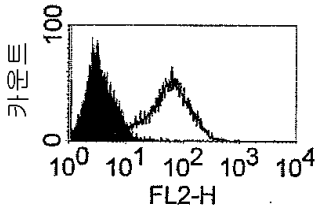
HPB-ALL

PC17H10HLxI2CHL



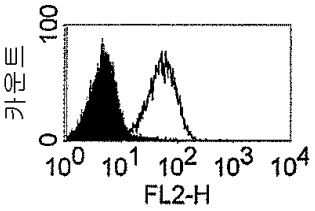
짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

PC17H10HLxI2CHL



4119LnPx

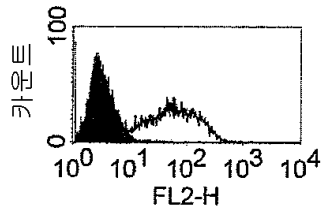
PC17H10HLxI2CHL



도면48b

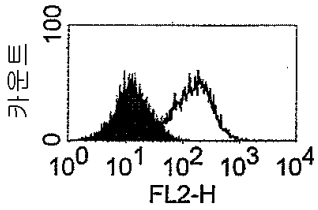
인간 PSCA로 형질감염된 CHO

PC17D10HLxI2CHL



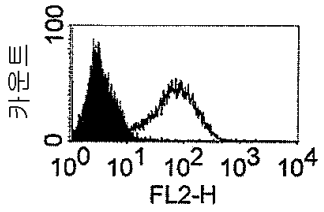
HPB-ALL

PC17D10HLxI2CHL



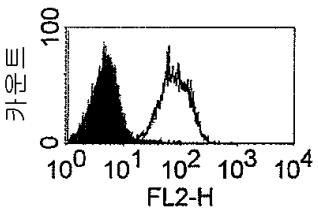
짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

PC17D10HLxI2CHL



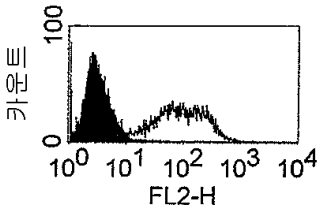
4119LnPx

PC17D10HLxI2CHL



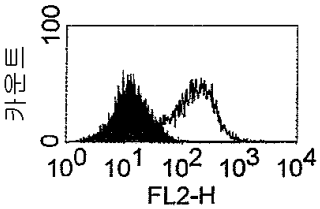
인간 PSCA로 형질감염된 CHO

PC08F4HLxI2CHL



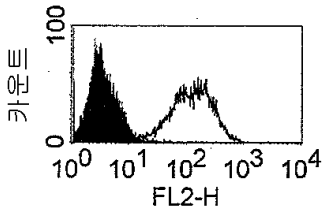
HPB-ALL

PC08F4HLxI2CHL



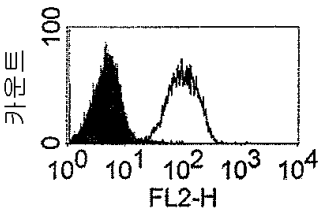
짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

PC08F4HLxI2CHL



4119LnPx

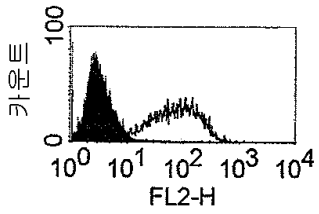
PC08F4HLxI2CHL



도면48c

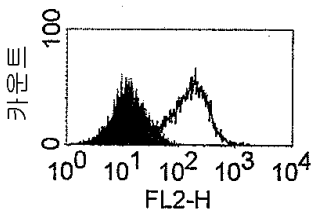
인간 PSCA로 형질감염된 CHO

PC32B8HLxI2CHL



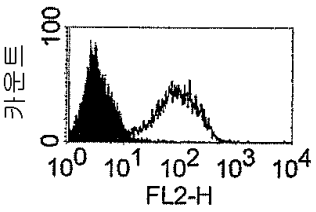
HPB-ALL

PC32B8HLxI2CHL



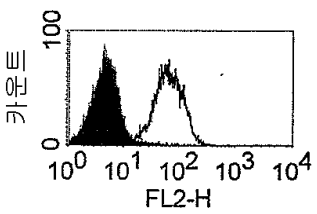
짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

PC32B8HLxI2CHL



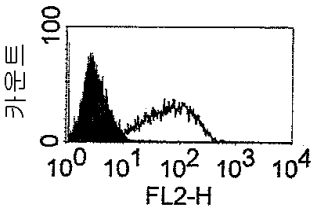
4119LnPx

PC32B8HLxI2CHL



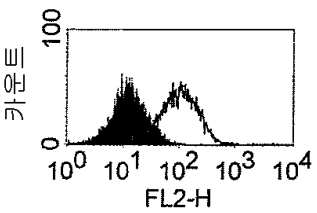
인간 PSCA로 형질감염된 CHO

PC32D5HLxI2CHL



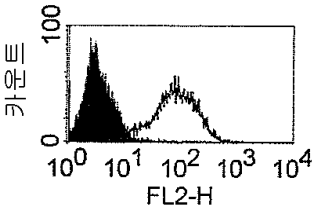
HPB-ALL

PC32D5HLxI2CHL



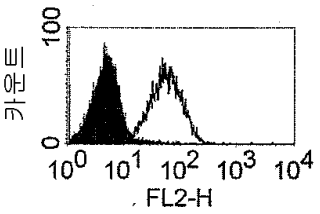
짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

PC32D5HLxI2CHL



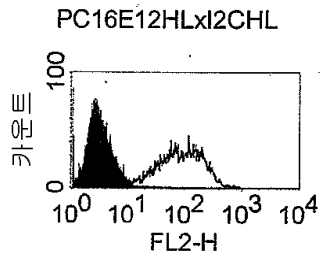
4119LnPx

PC32D5HLxI2CHL

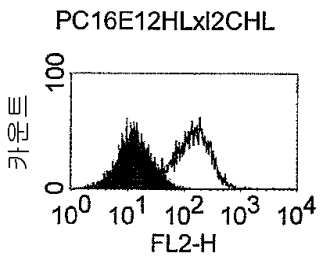


도면48d

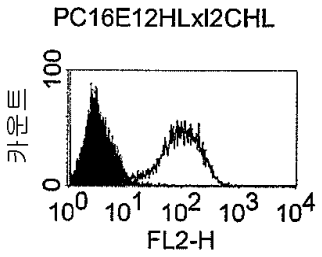
인간 PSCA로 형질감염된 CHO



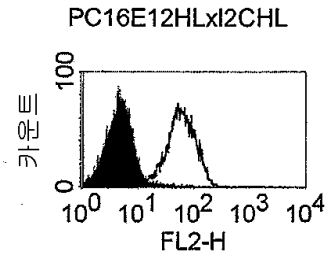
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

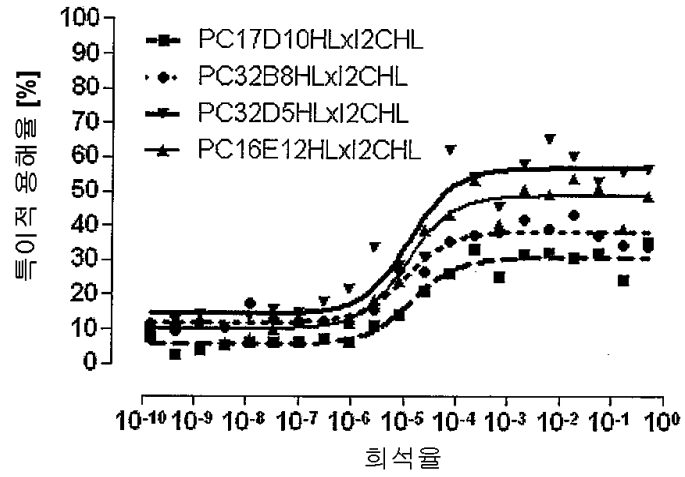


4119LnPx

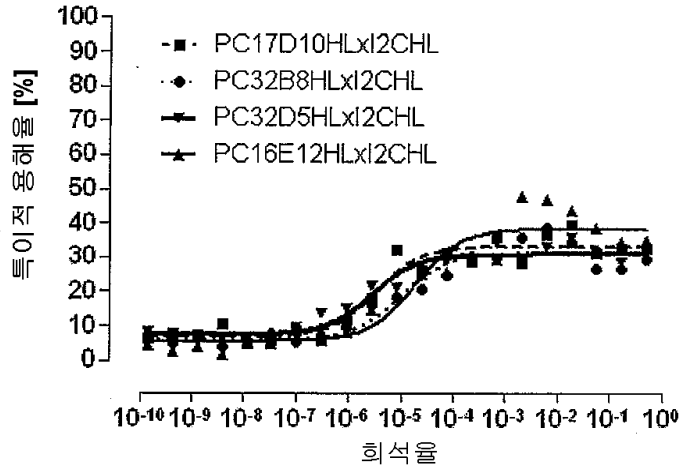


도면49a

이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 PSCA로 형질감염된 CHO

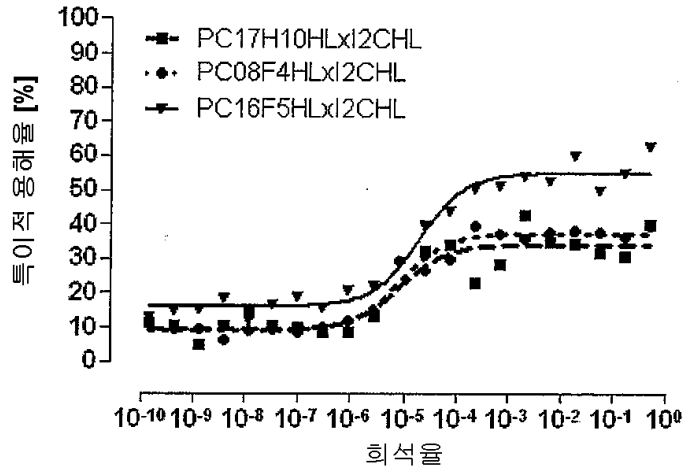


이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO

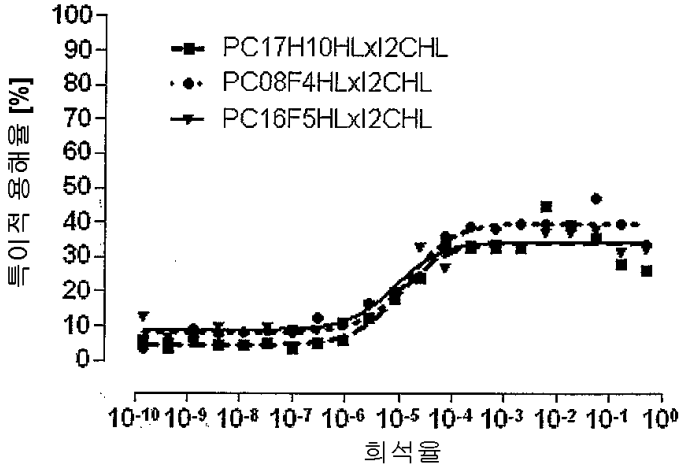


도면49b

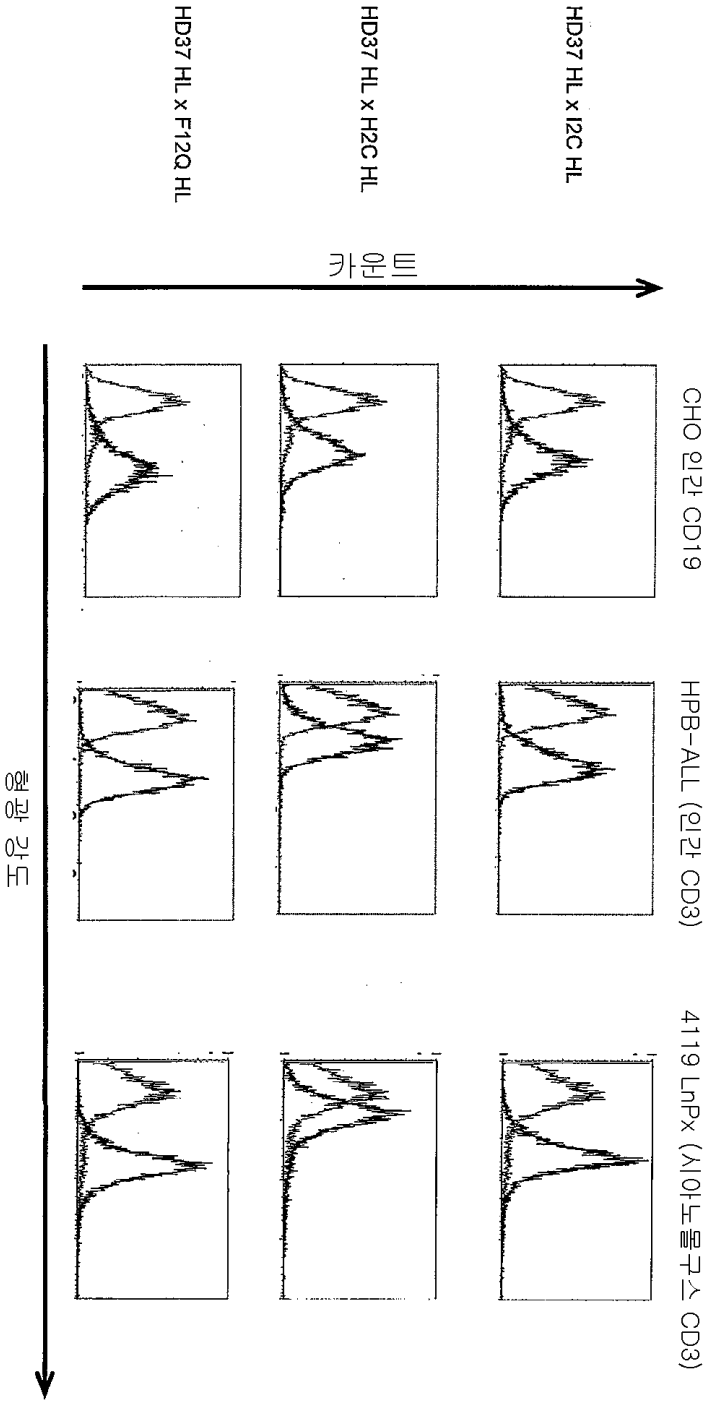
이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 PSCA로 형질감염된 CHO



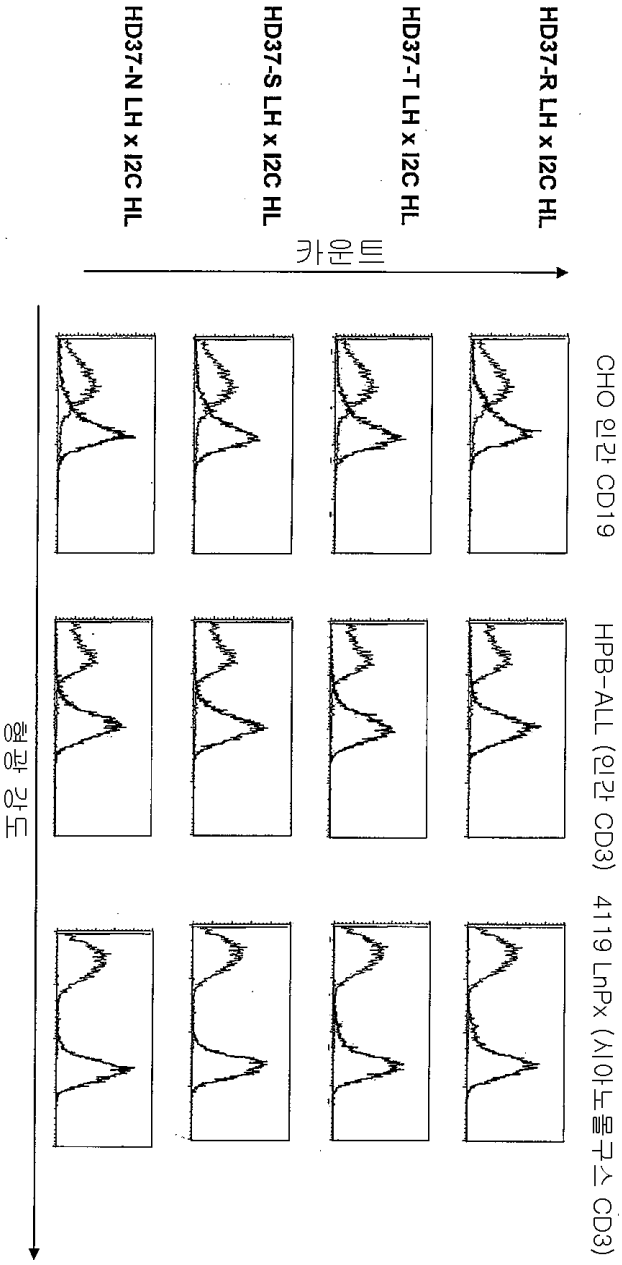
이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 PSCA로 형질감염된 CHO



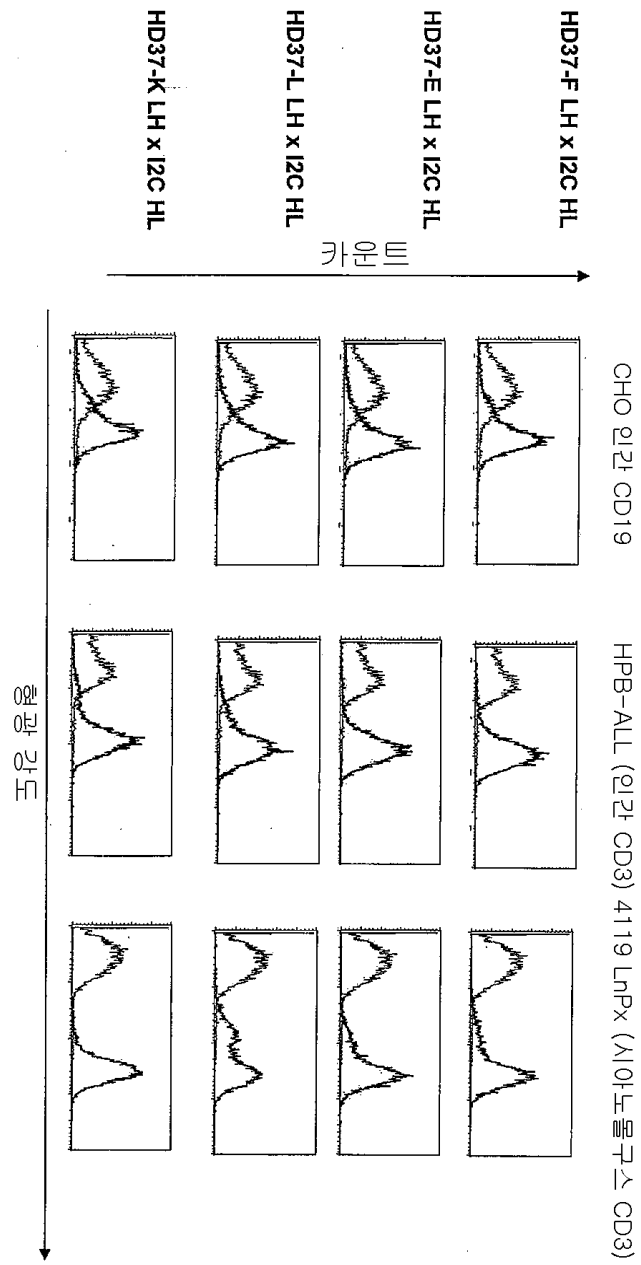
도면50a


HD37 HL x I2C HL
HD37 HL x H2C HL
HD37 HL x F12Q HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3)
4119 LnPx (시아노몰구스 CD3)
형광 강도

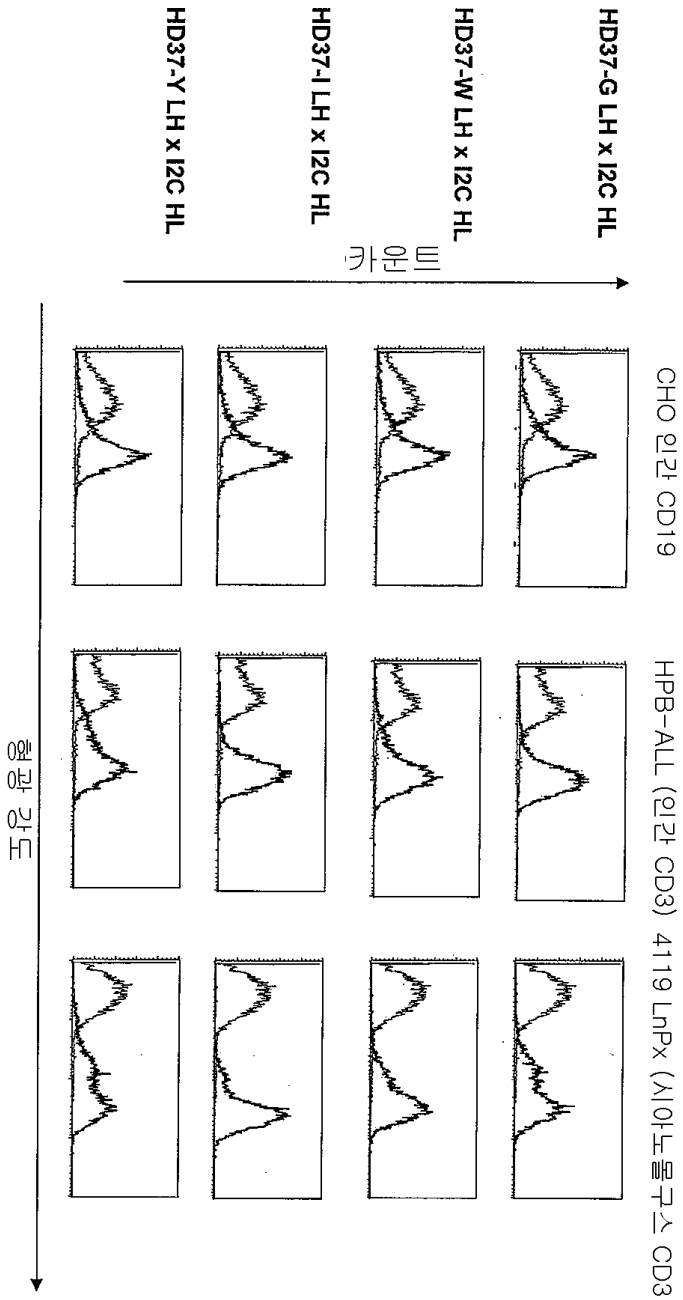
도면50b


HD37-R LH x I2C HL
HD37-T LH x I2C HL
HD37-S LH x I2C HL
HD37-N LH x I2C HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3)
4119 LnPx (시아노몰구스 CD3)
형광 강도

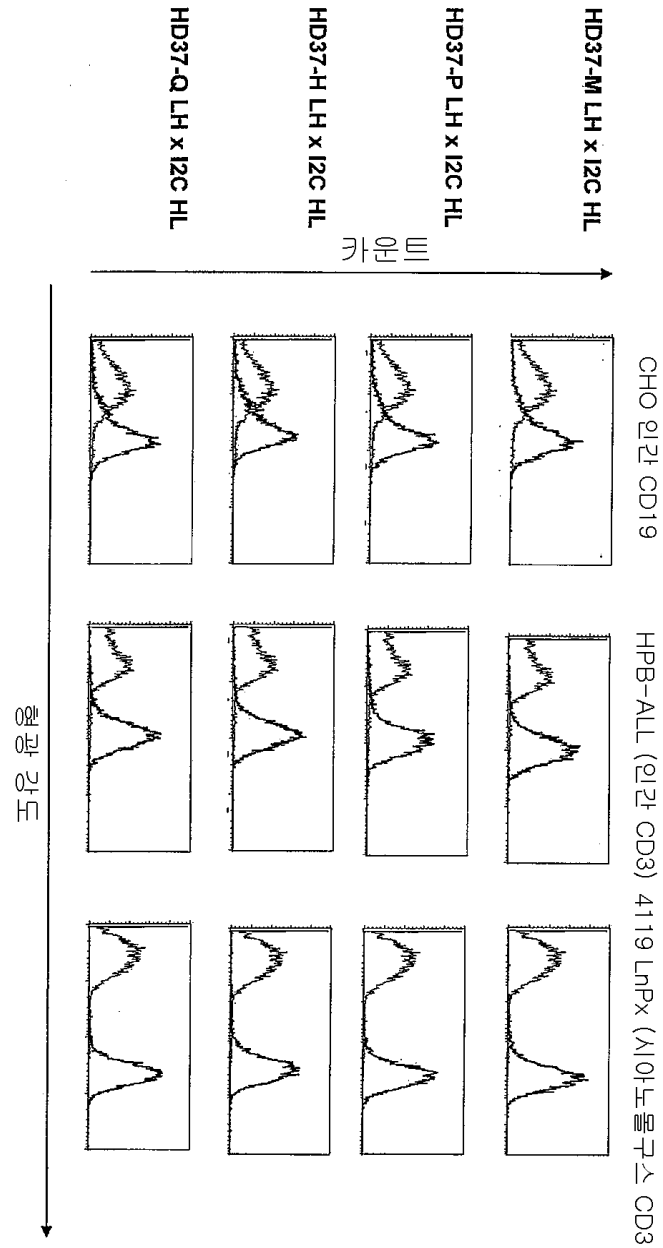
도면50c


HD37-F LH x I2C HL
HD37-E LH x I2C HL
HD37-L LH x I2C HL
HD37-K LH x I2C HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3) 4119 LnPx (시아노몰구스 CD3)
형광 강도

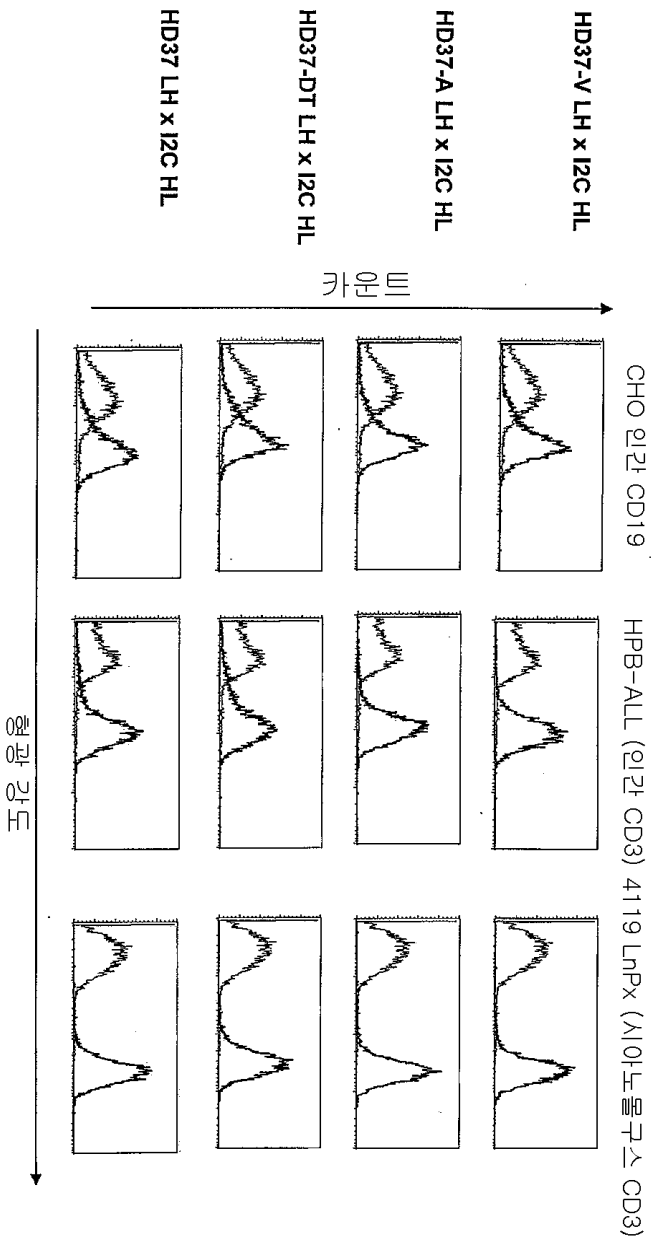
도면50d


HD37-G LH x I2C HL
HD37-W LH x I2C HL
HD37-I LH x I2C HL
HD37-Y LH x I2C HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3) 4119 LnPx (시아노몰구스 CD3
조합 융합

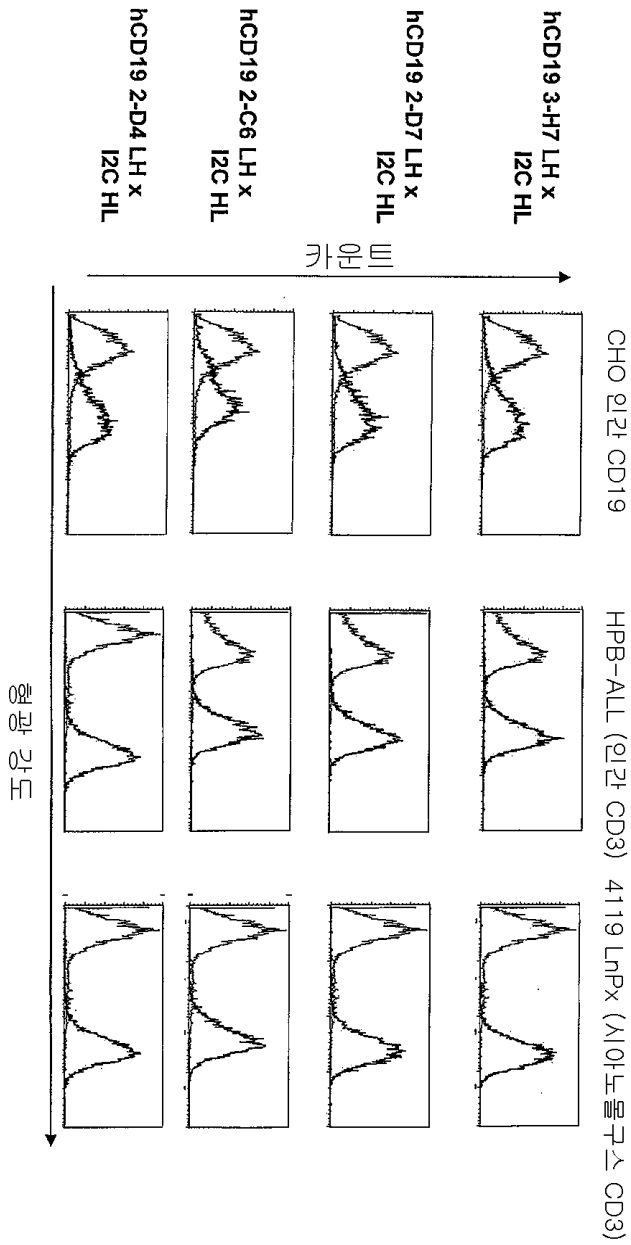
도면50e


HD37-M LH x I2C HL
HD37-P LH x I2C HL
HD37-H LH x I2C HL
HD37-Q LH x I2C HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3) 4119 LnPx (시아노몰구스 CD3
형광 강도

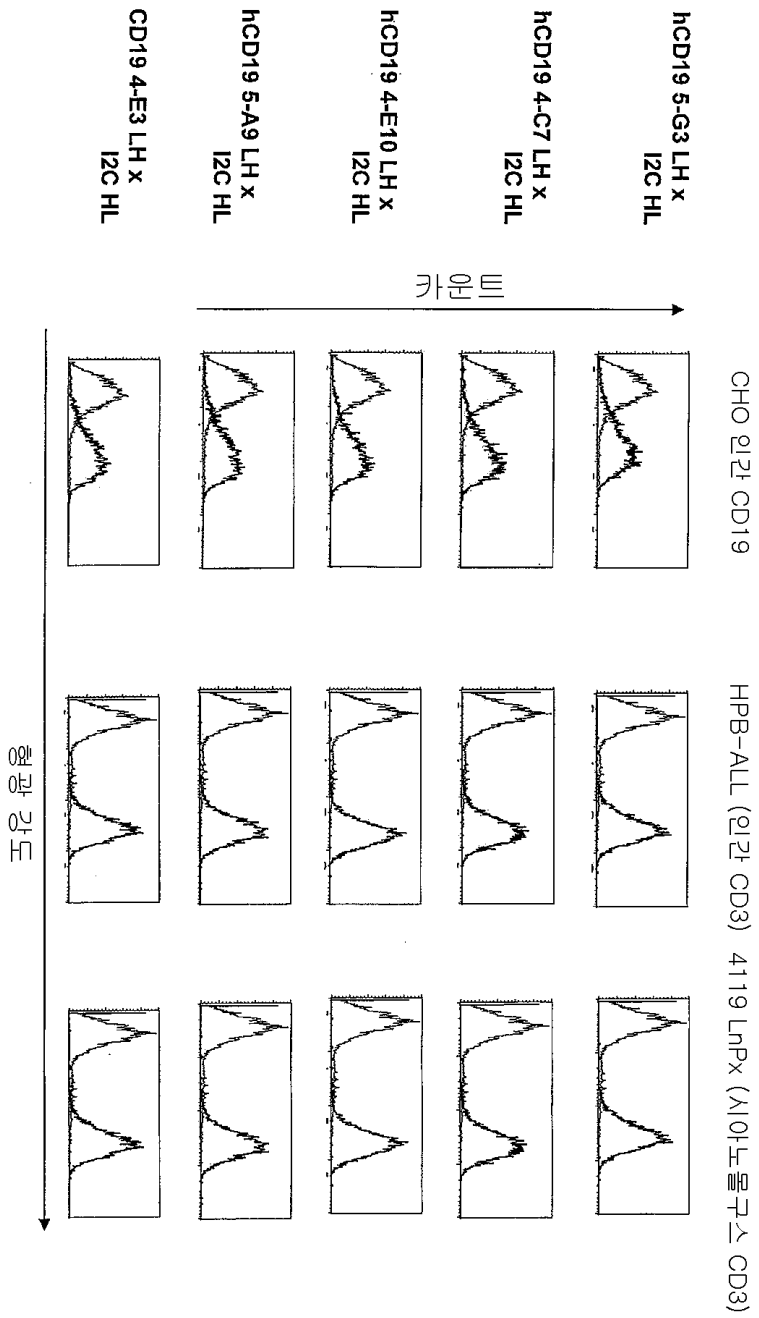
도면50f


HD37-V LH x I2C HL
HD37-A LH x I2C HL
HD37-DT LH x I2C HL
HD37 LH x I2C HL
카운트
형광 강도
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3) 4119 LnPx (시아노몰구스 CD3)

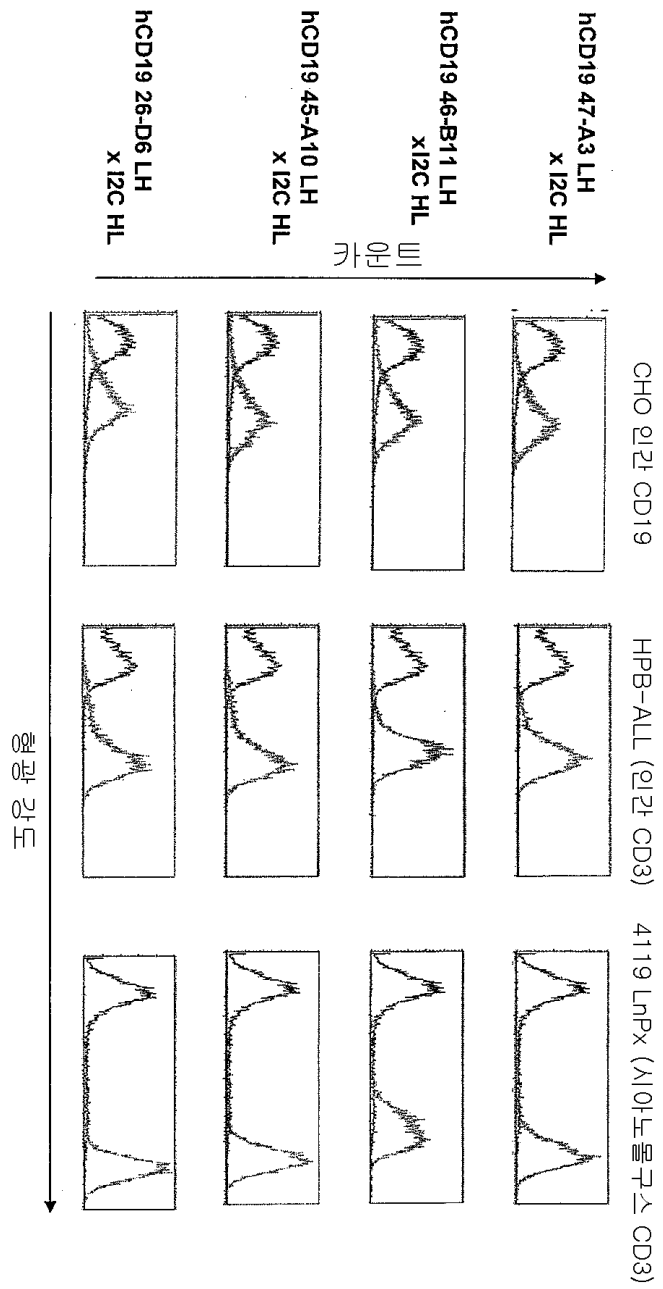
도면50g


hCD19 3-H7 LH x I2C HL
hCD19 2-D7 LH x I2C HL
hCD19 2-C6 LH x I2C HL
hCD19 2-D4 LH x I2C HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3)
4119 LnPx (시아노물구스 CD3)
형광 강도

도면50h

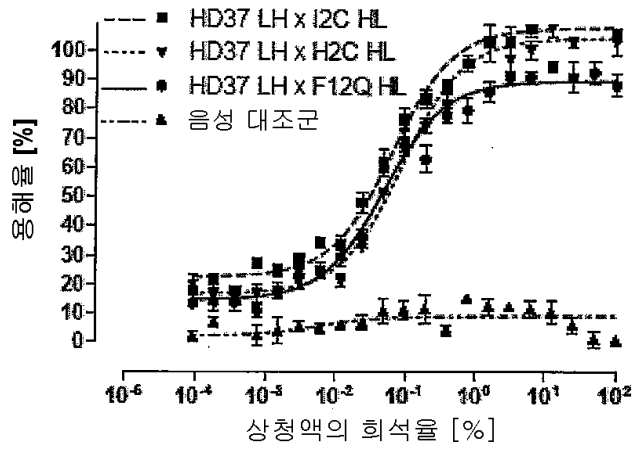

hCD19 5-G3 LH x I2C HL
hCD19 4-C7 LH x I2C HL
hCD19 4-E10 LH x I2C HL
hCD19 5-A9 LH x I2C HL
CD19 4-E3 LH x I2C HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3)
4119 LnPx (시아노몰구스 CD3)
형광 강도

도면50i


hCD19 47-A3 LH x I2C HL
hCD19 46-B11 LH xI2C HL
hCD19 45-A10 LH x I2C HL
hCD19 26-D6 LH x I2C HL
카운트
CHO 인간 CD19
HPB-ALL (인간 CD3)
4119 LnPx (시아노몰구스 CD3)
형광 강도

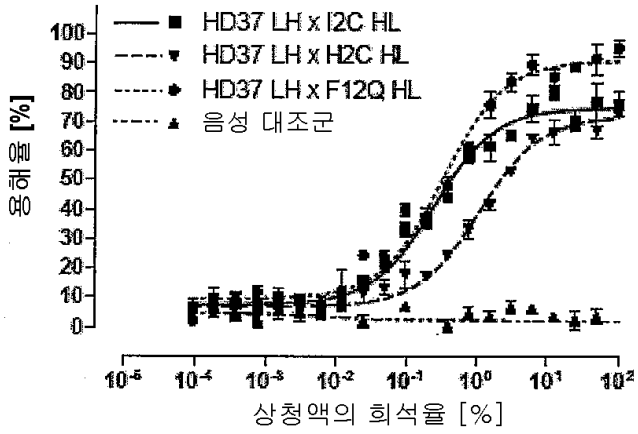
도면51a

이펙터 세포: CD56-고갈된 비자극된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



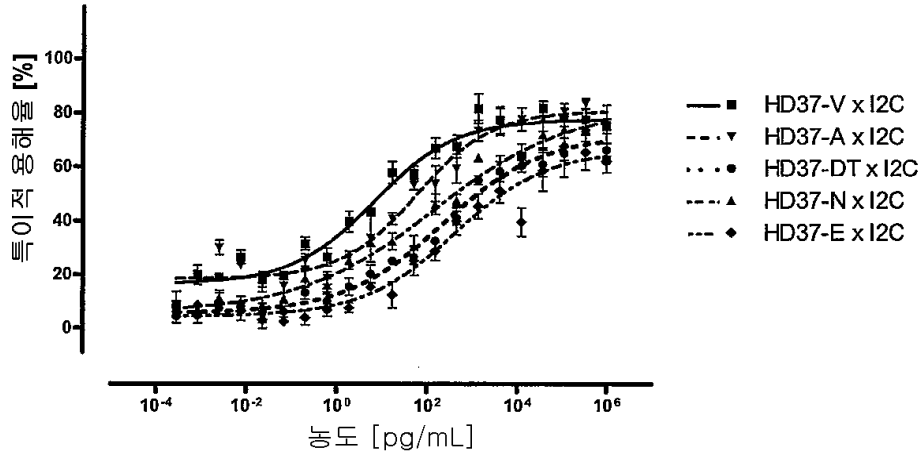
도면51b

이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



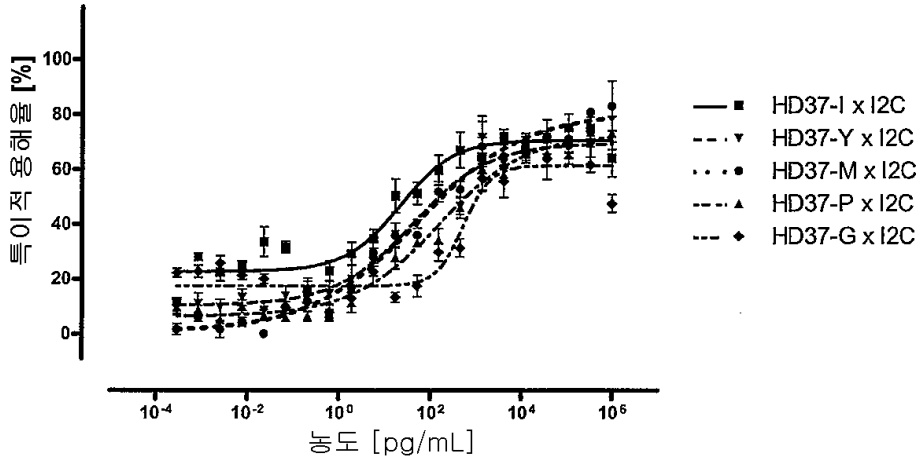
도면51c

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



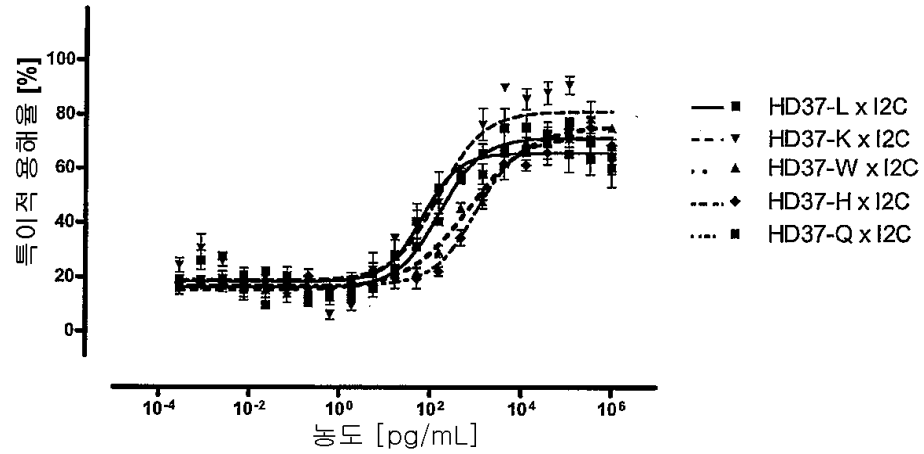
도면51d

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



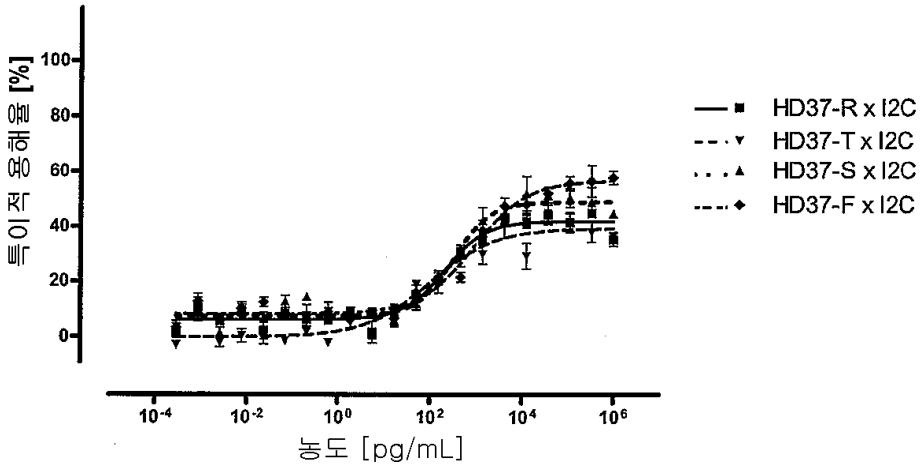
도면51e

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



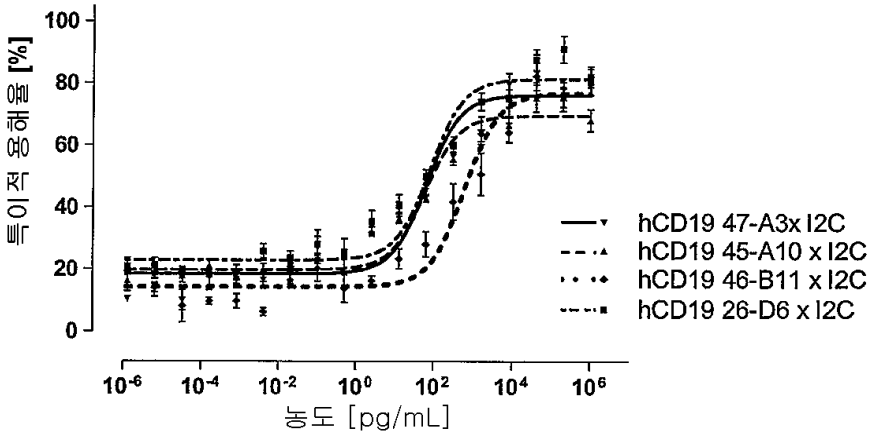
도면51f

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



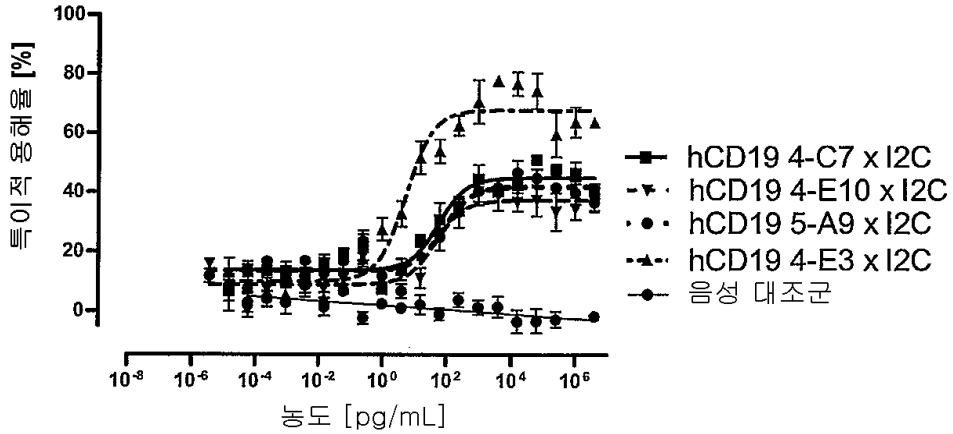
도면51g

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



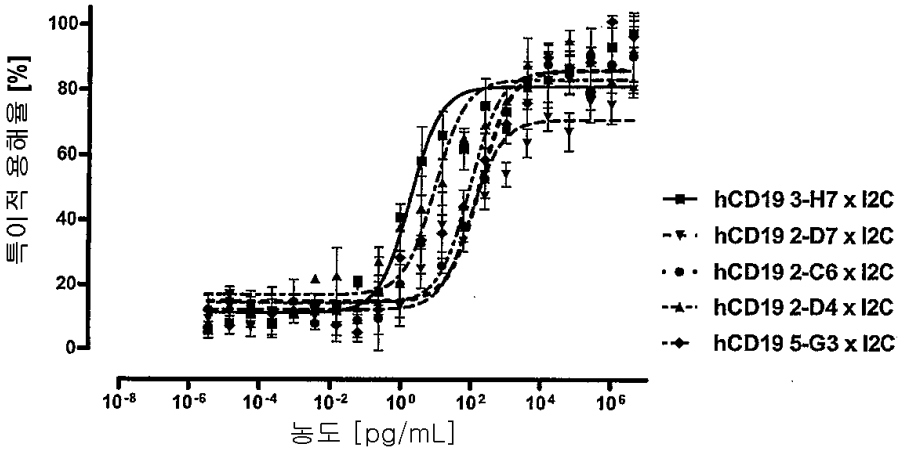
도면51h

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO

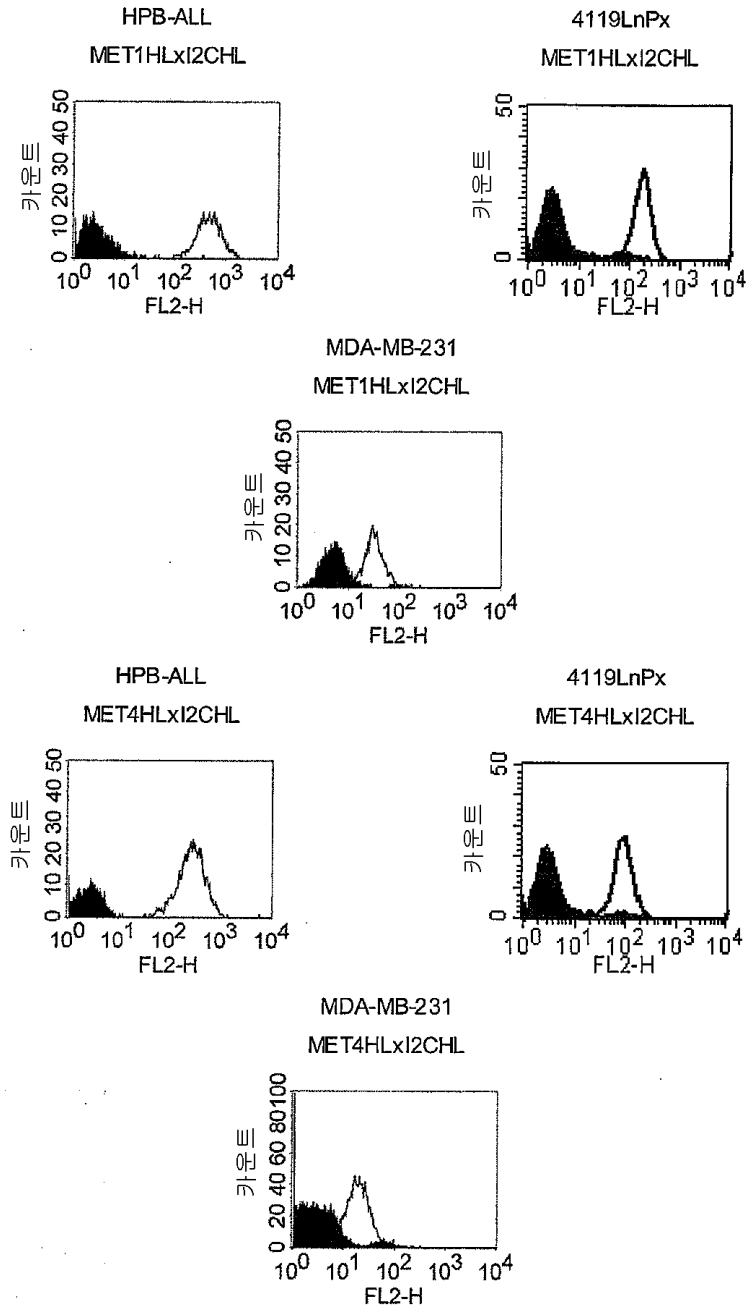


도면51i

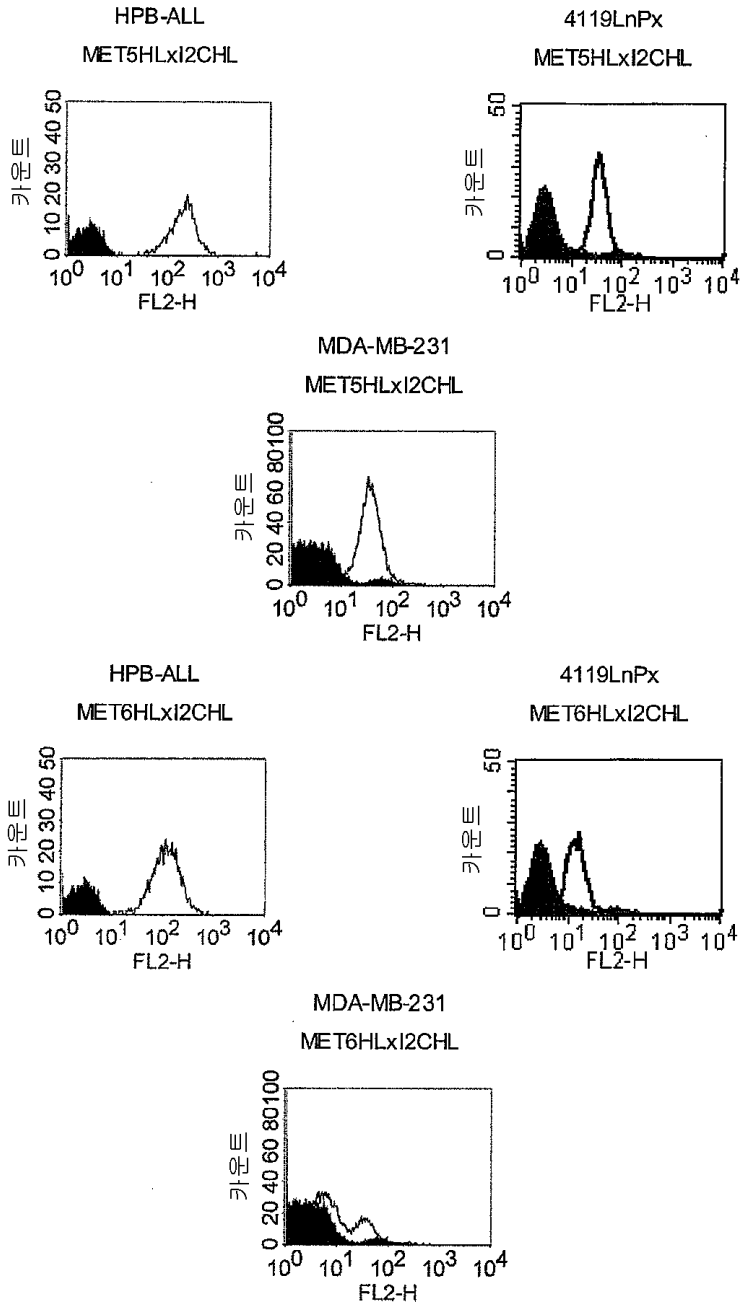
이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD19로 형질감염된 CHO



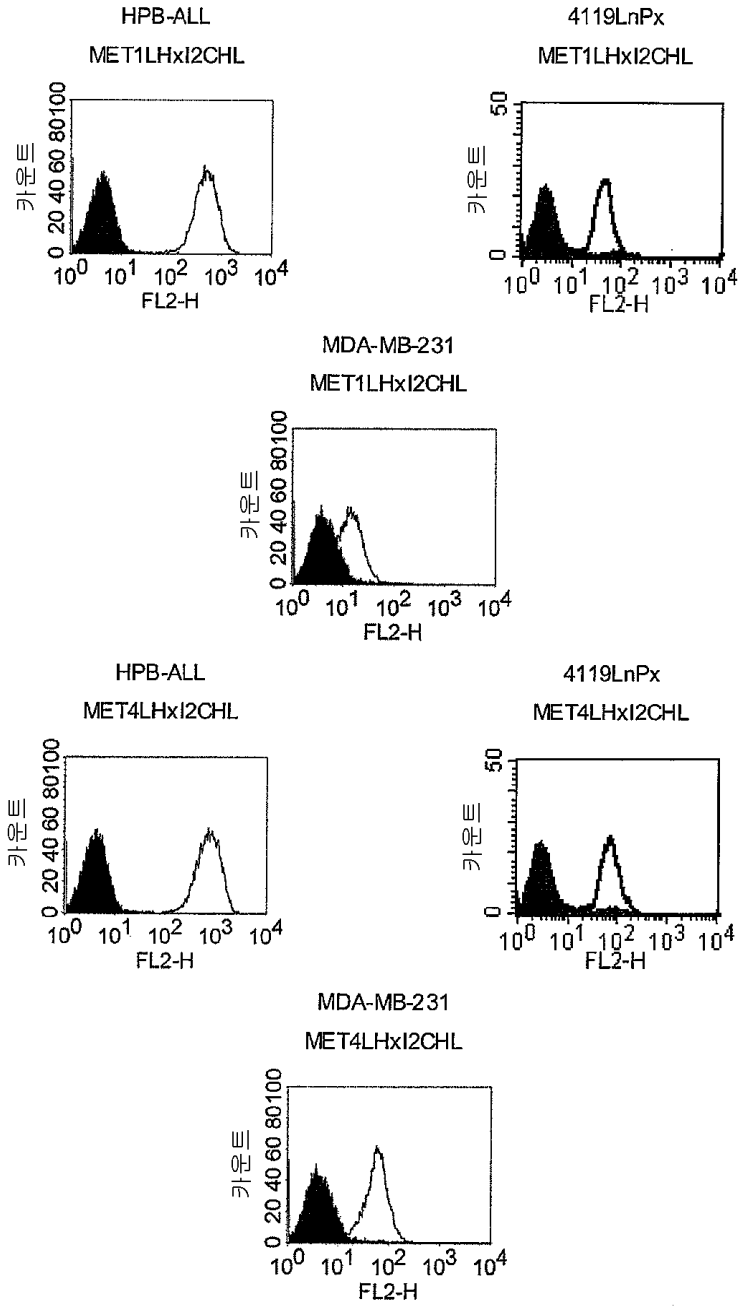
도면52a


HPB-ALL
MET1HLxI2CHL
4119LnPx
MET1HLxI2CHL
MDA-MB-231
MET1HLxI2CHL
HPB-ALL
MET4HLxI2CHL
4119LnPx
MET4HLxI2CHL
MDA-MB-231
MET4HLxI2CHL
카운트
FL2-H

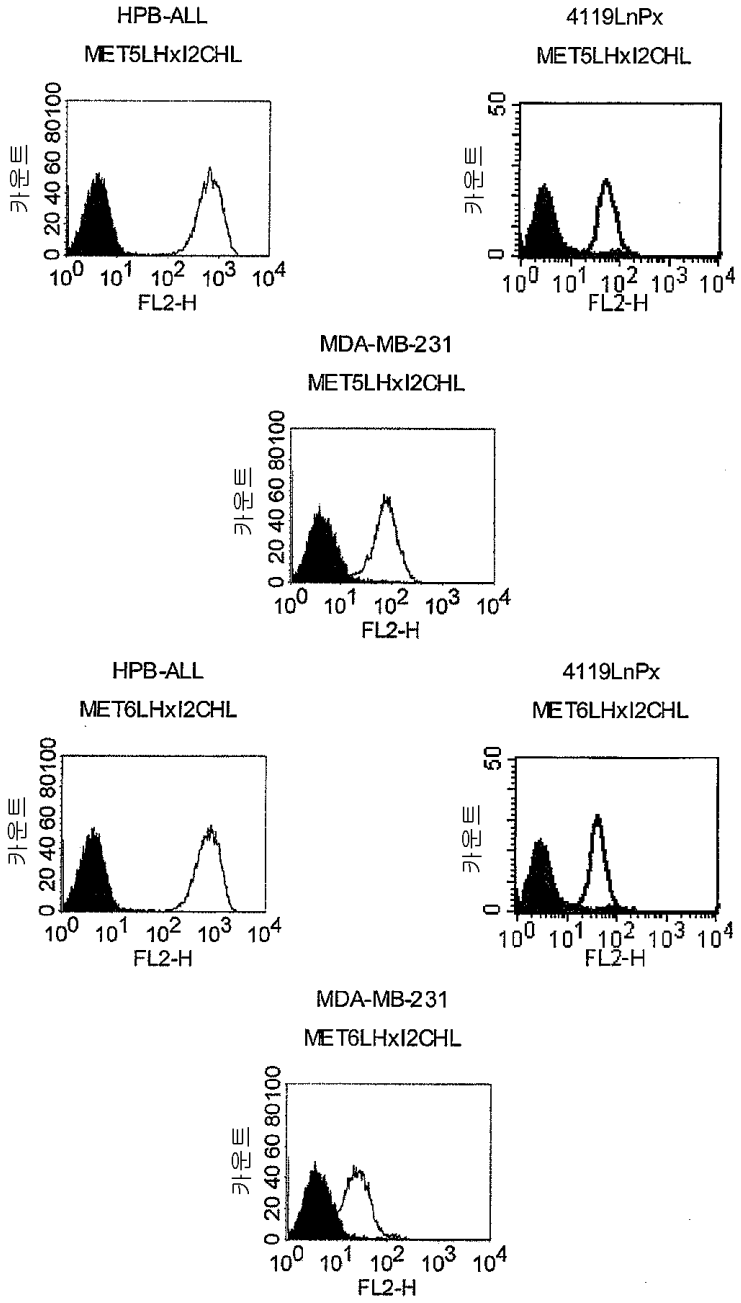
도면52b


HPB-ALL
MET5HLxI2CHL
카운트
FL2-H
4119LnPx
MET5HLxI2CHL
카운트
FL2-H
MDA-MB-231
MET5HLxI2CHL
카운트
FL2-H
HPB-ALL
MET6HLxI2CHL
카운트
FL2-H
4119LnPx
MET6HLxI2CHL
카운트
FL2-H
MDA-MB-231
MET6HLxI2CHL
카운트
FL2-H

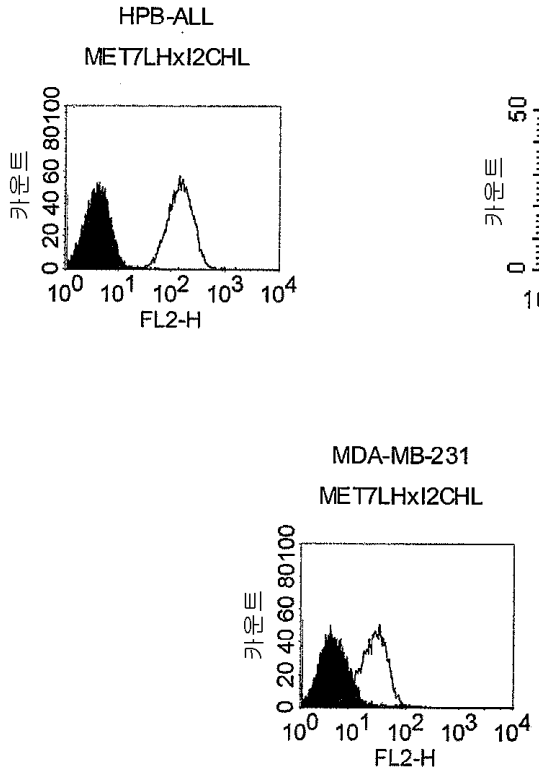
도면52c


HPB-ALL
MET1LHxI2CHL
4119LnPx
MET1LHxI2CHL
MDA-MB-231
MET1LHxI2CHL
HPB-ALL
MET4LHxI2CHL
4119LnPx
MET4LHxI2CHL
MDA-MB-231
MET4LHxI2CHL
카운트
FL2-H

도면52d

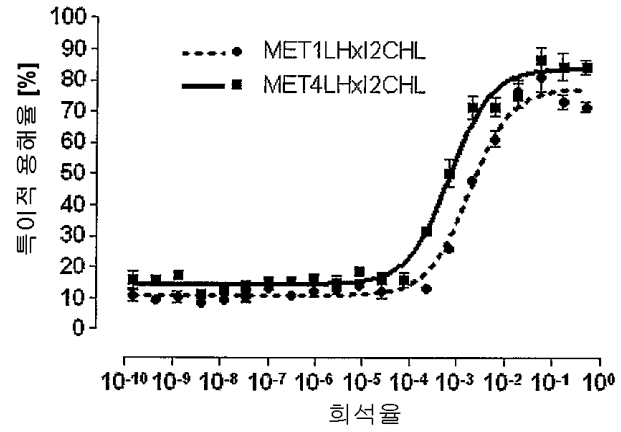

HPB-ALL
MET5LHxI2CHL
카운트
0 20 40 60 80100
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
4119LnPx
MET5LHxI2CHL
카운트
0 50
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
MDA-MB-231
MET5LHxI2CHL
카운트
0 20 40 60 80100
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
HPB-ALL
MET6LHxI2CHL
카운트
0 20 40 60 80100
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
4119LnPx
MET6LHxI2CHL
카운트
0 50
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
MDA-MB-231
MET6LHxI2CHL
카운트
0 20 40 60 80100
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면52e

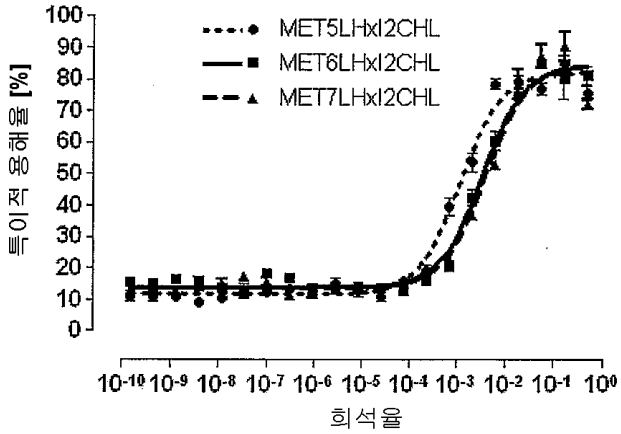

HPB-ALL
MET7LHxI2CHL
카운트
0 20 40 60 80100
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
4119LnPx
MET7LHxI2CHL
카운트
0 50
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H
MDA-MB-231
MET7LHxI2CHL
카운트
0 20 40 60 80100
10^0 10^1 10^2 10^3 10^4
FL2-H

도면53a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: MDA-MB-231

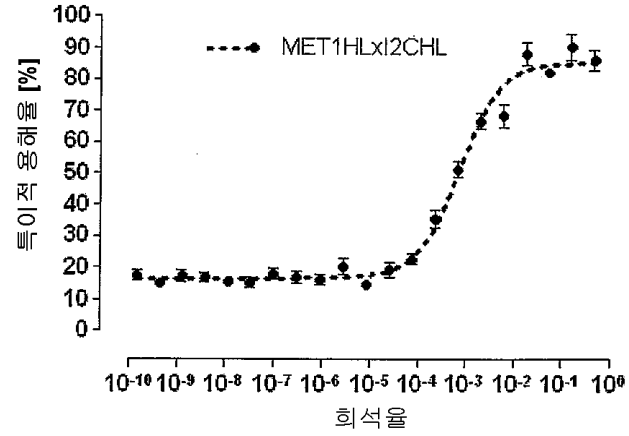


이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: MDA-MB-231

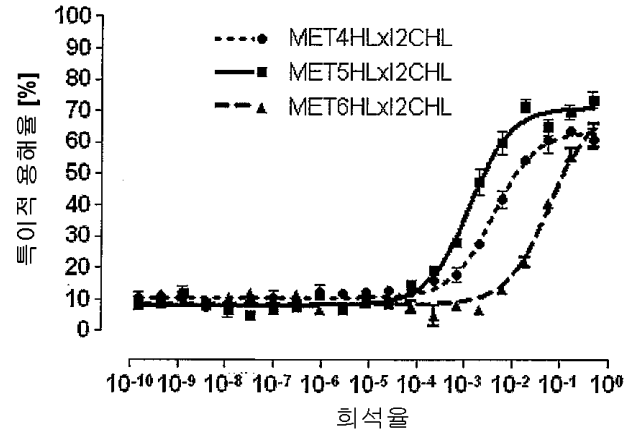


도면53b

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: MDA-MB-231

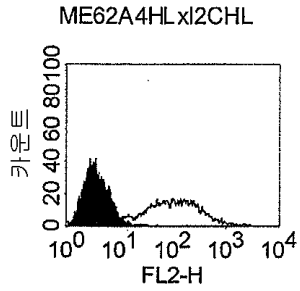


이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: MDA-MB-231

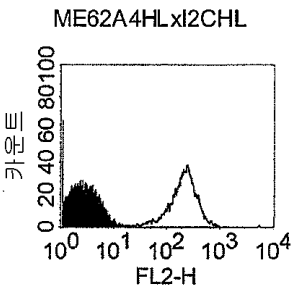


도면54a

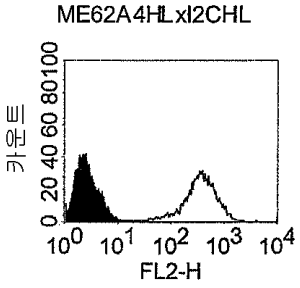
인간 c-MET 형질감염된 CHO



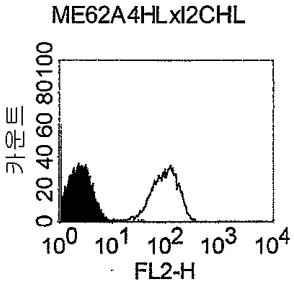
HPB-ALL



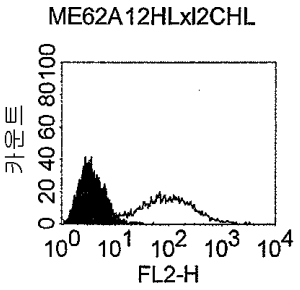
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO



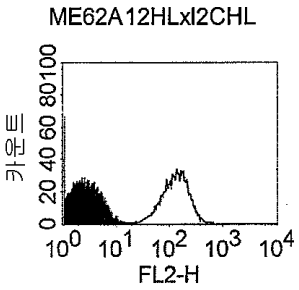
4119LnPx



인간 c-MET 형질감염된 CHO



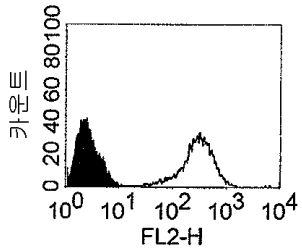
HPB-ALL



도면54b

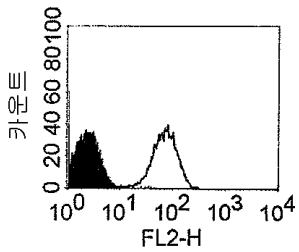
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME62A12HLxl2CHL



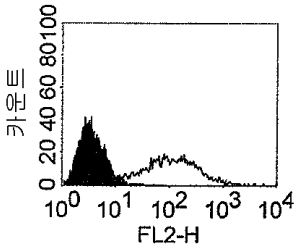
4119LnPx

ME62A12HLxl2CHL



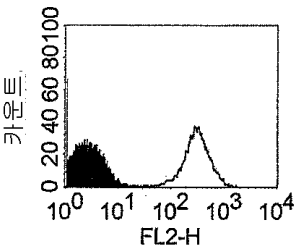
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME62C10HLxl2CHL



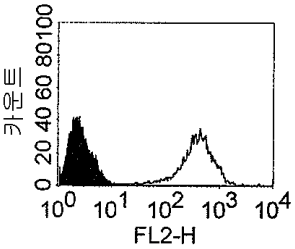
HPB-ALL

ME62C10HLxl2CHL



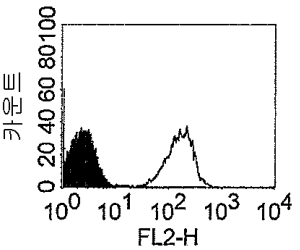
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME62C10HLxl2CHL



4119LnPx

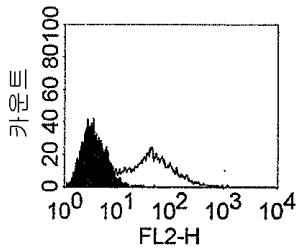
ME62C10HLxl2CHL



도면54c

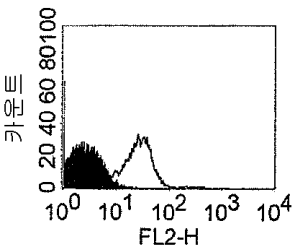
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME62D11HLxI2CHL



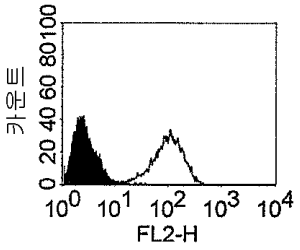
HPB-ALL

ME62D11HLxI2CHL



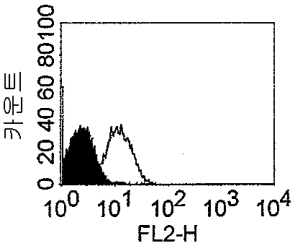
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME62D11HLxI2CHL



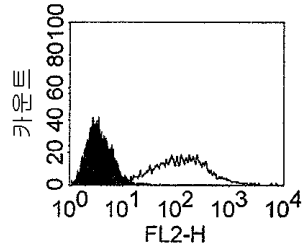
4119LnPx

ME62D11HLxI2CHL



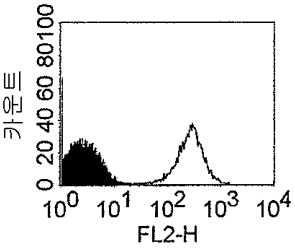
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME63F2HLxI2CHL



HPB-ALL

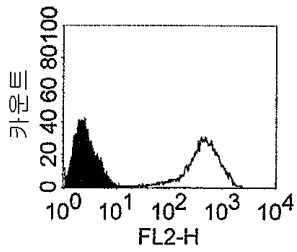
ME63F2HLxI2CHL



도면54d

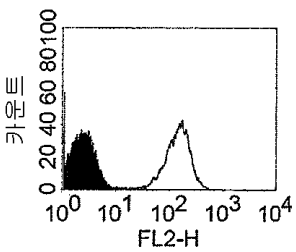
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME63F2HLxI2CHL



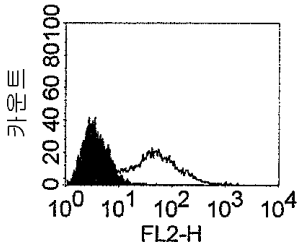
4119LnPx

ME63F2HLxI2CHL



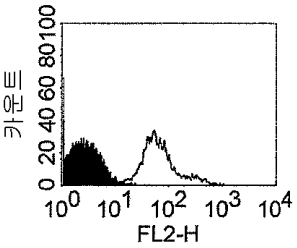
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME86H11HLxI2CHL



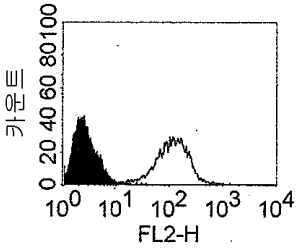
HPB-ALL

ME86H11HLxI2CHL



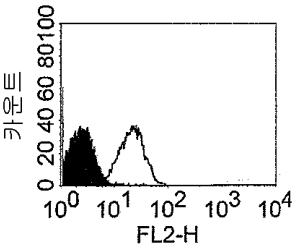
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME86H11HLxI2CHL



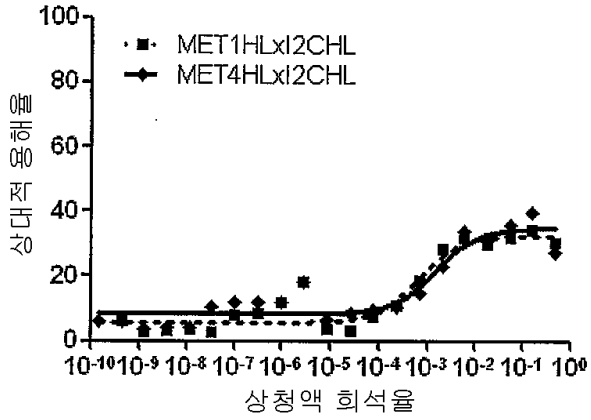
4119LnPx

ME86H11HLxI2CHL

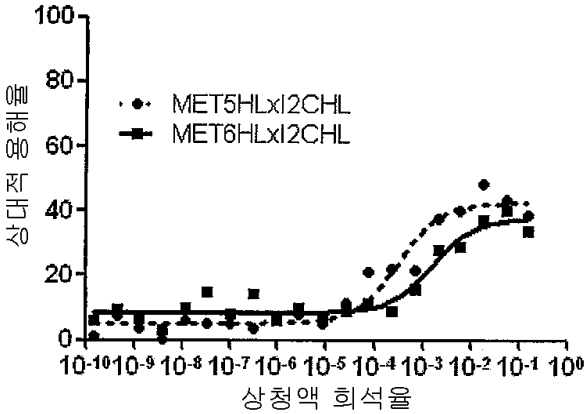


도면55a

이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 c-MET로 형질감염된 CHO



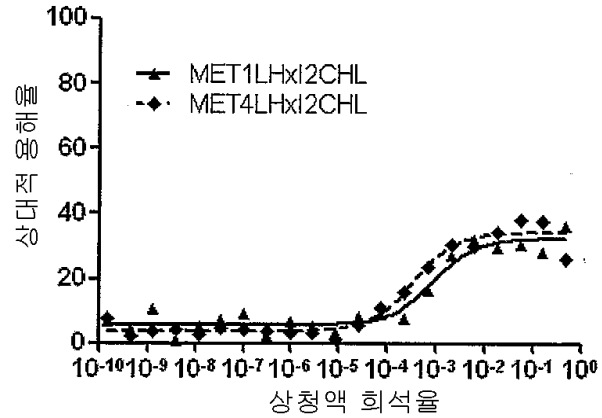
이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 c-MET로 형질감염된 CHO



도면55b

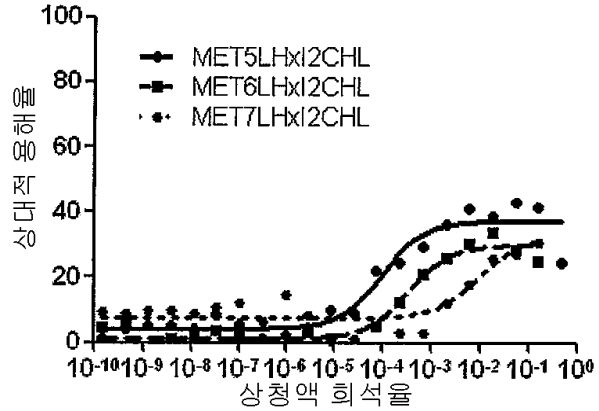
이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx

표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 c-MET로 형질감염된 CHO



이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx

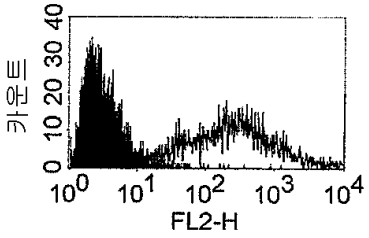
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 c-MET로 형질감염된 CHO



도면56a

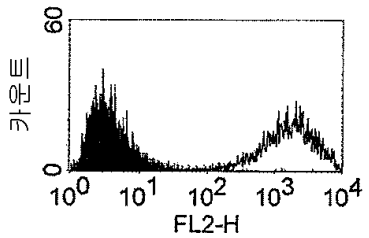
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06B7HL



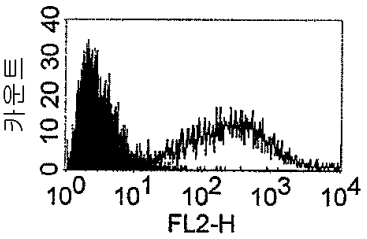
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된CHO

ME06B7HL



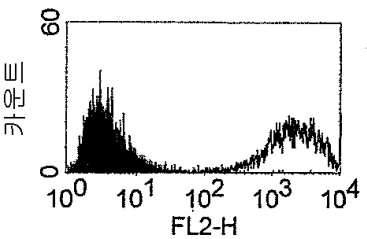
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06C6HL



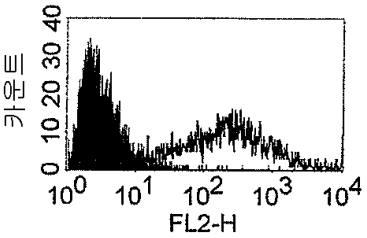
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된CHO

ME06C6HL



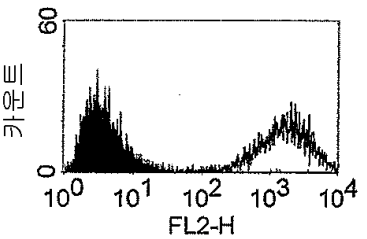
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06C7HL



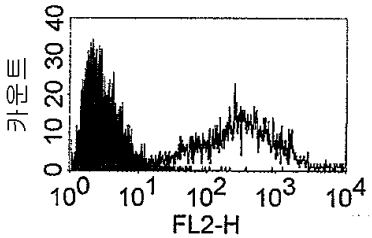
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된CHO

ME06C7HL



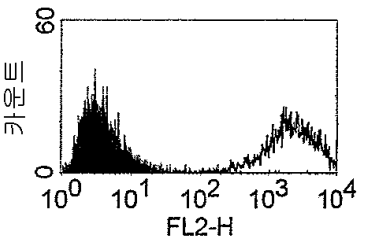
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06D1HL



짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된CHO

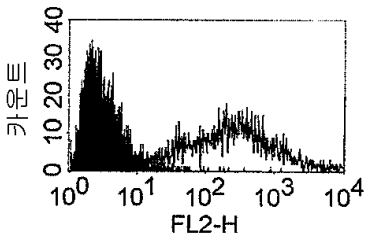
ME06D1HL



도면56b

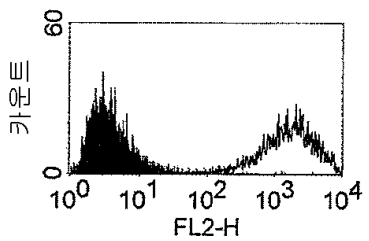
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06B7HL



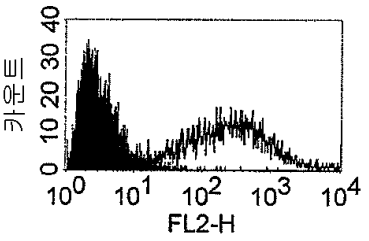
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME06B7HL



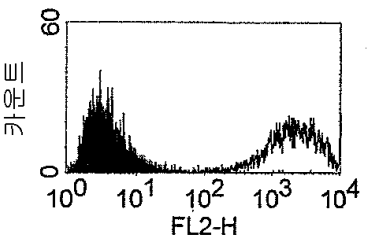
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06C6HL



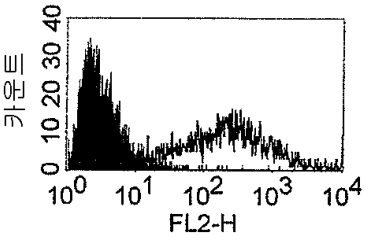
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME06C6HL



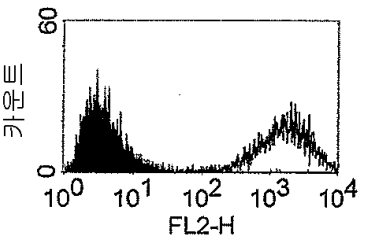
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06C7HL



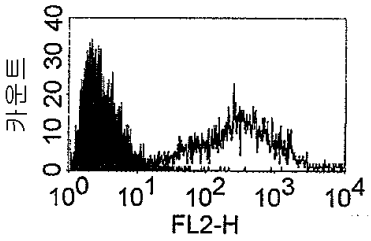
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME06C7HL



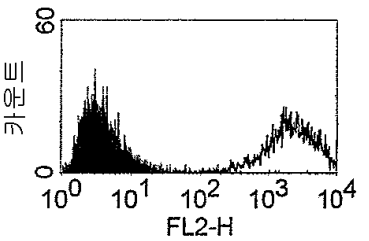
인간 c-MET 형질감염된 CHO

ME06D1HL



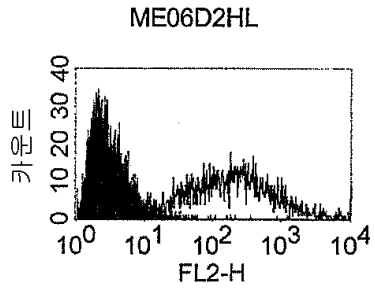
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

ME06D1HL

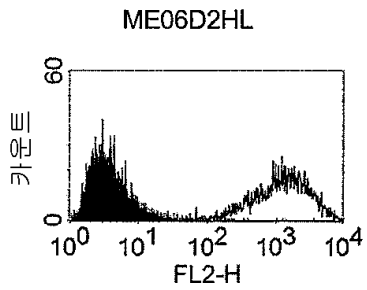


도면56c

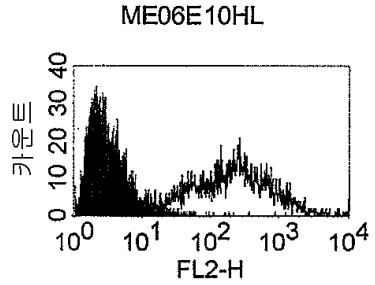
인간 c-MET 형질감염된 CHO



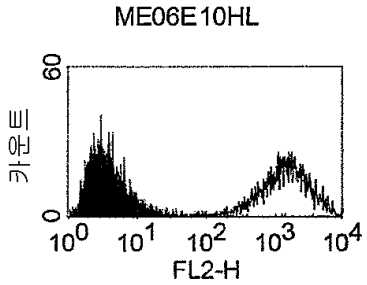
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO



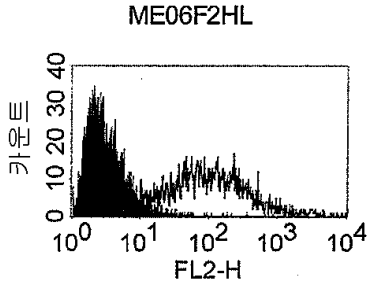
인간 c-MET 형질감염된 CHO



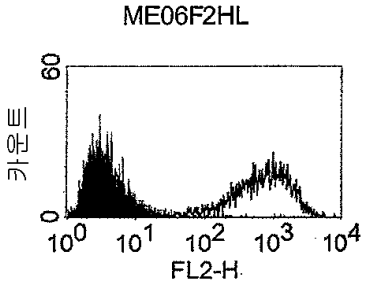
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO



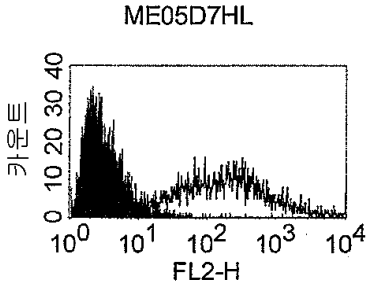
인간 c-MET 형질감염된 CHO



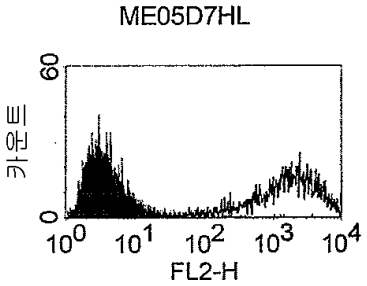
짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO



인간 c-MET 형질감염된 CHO

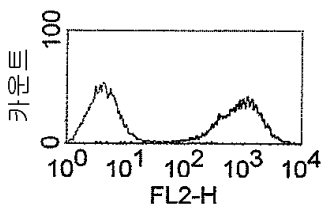


짧은꼬리 원숭이 c-MET 형질감염된 CHO

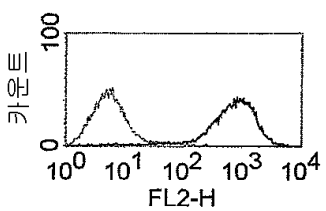


도면57

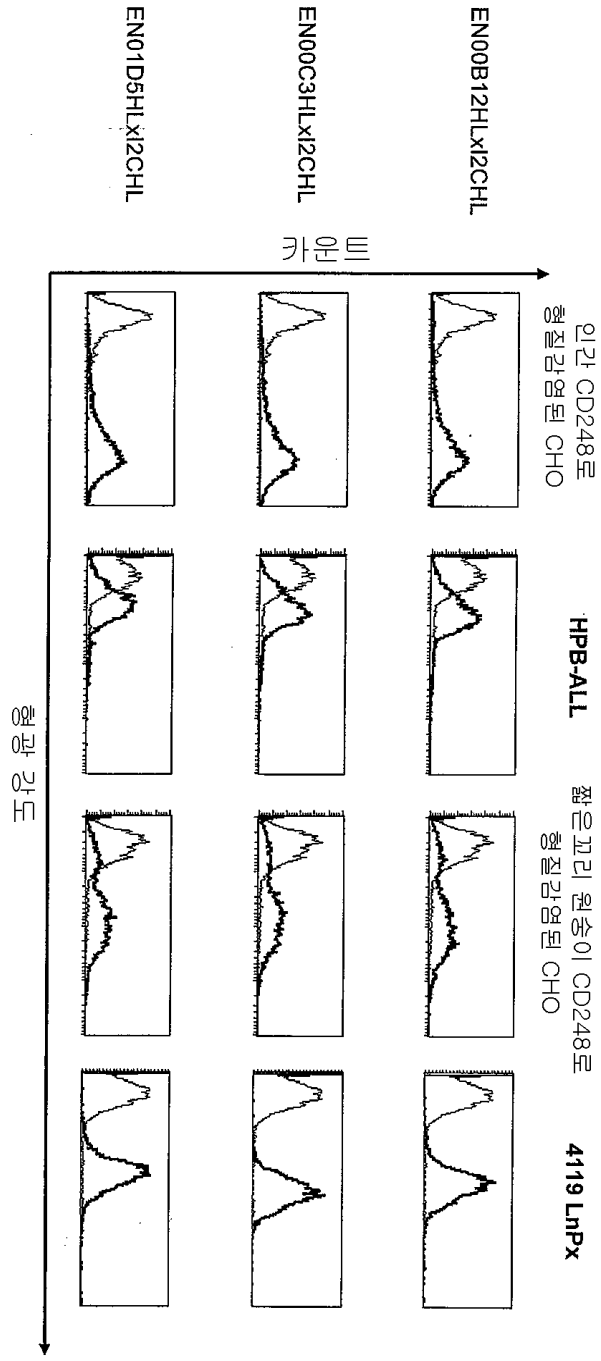
인간 엔도시알린 형질감염된 CHO



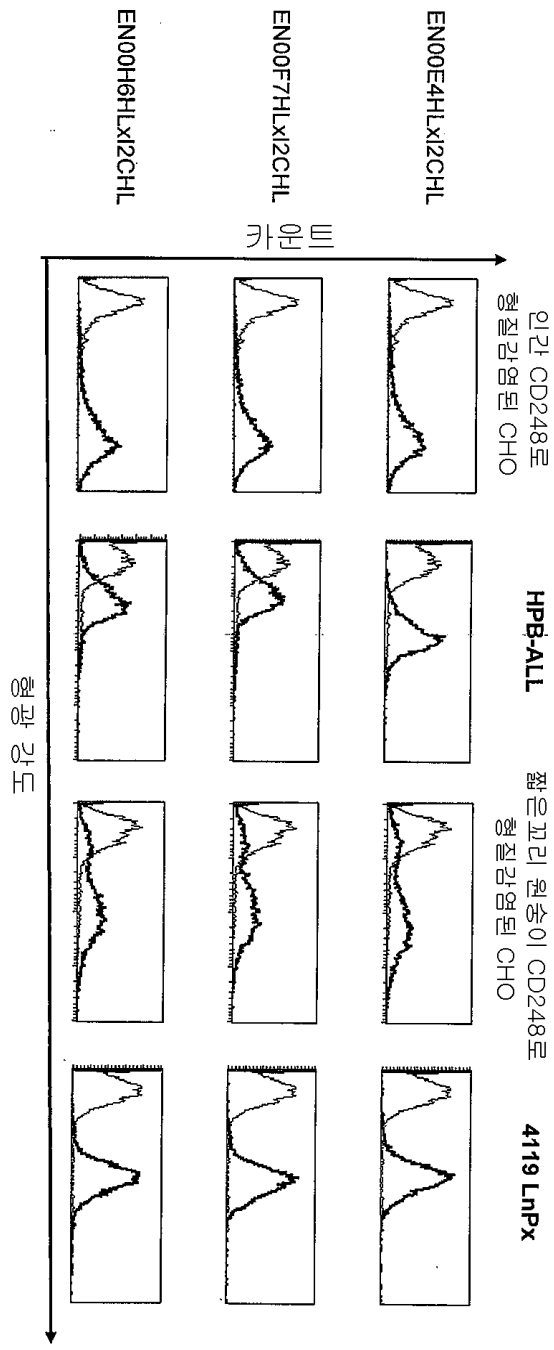
짧은꼬리 엔도시알린 형질감염된 CHO



도면58a

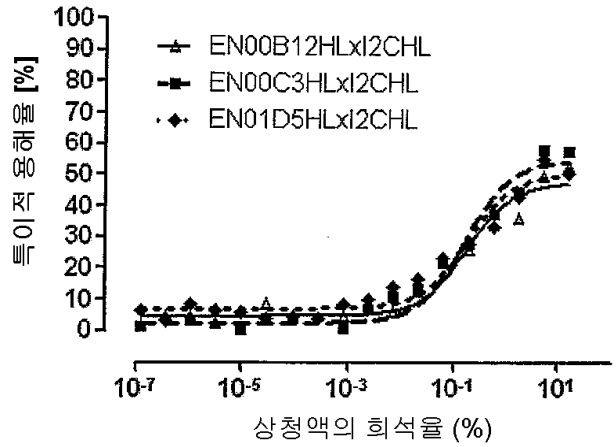

EN00B12HLxI2CHL
EN00C3HLxI2CHL
EN01D5HLxI2CHL
카운트
인간 CD248로 형질감염된 CHO
HPB-ALL
짧은 꼬리 원숭이 CD248로 형질감염된 CHO
4119 LnPx
결합 강도

도면58b

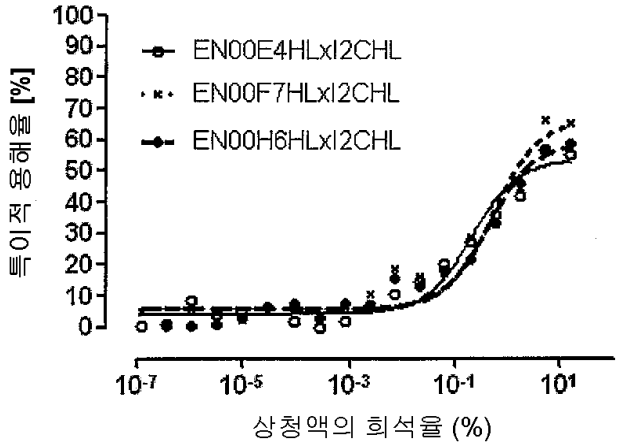

EN00E4HLxl2CHL
EN00F7HLxl2CHL
EN00H6HLxl2CHL
카운트
인간 CD248로 형질감염된 CHO
HPB-ALL
짧은꼬리 원숭이 CD248로 형질감염된 CHO
4119 LnPx
형광 강도

도면59a

이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD248로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

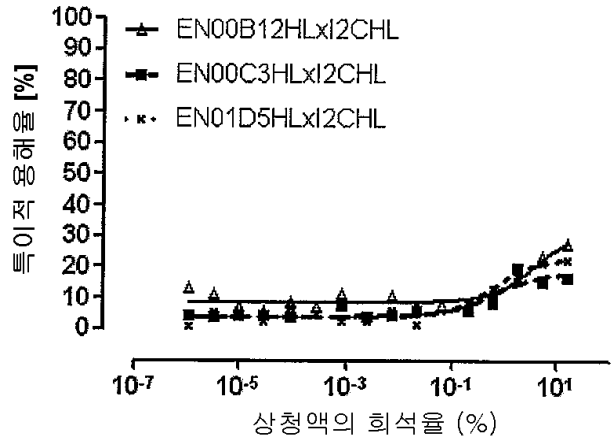


이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 CD248로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

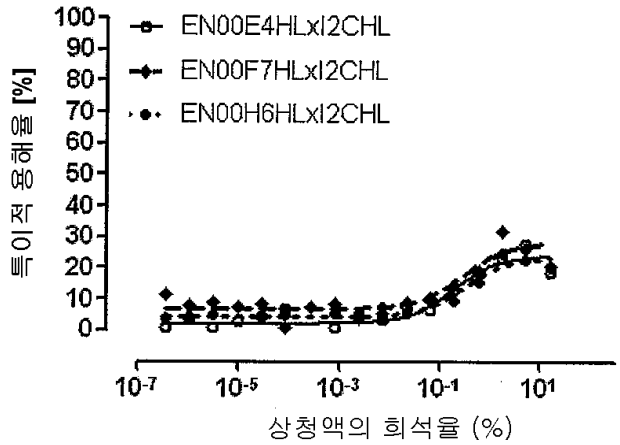


도면59b

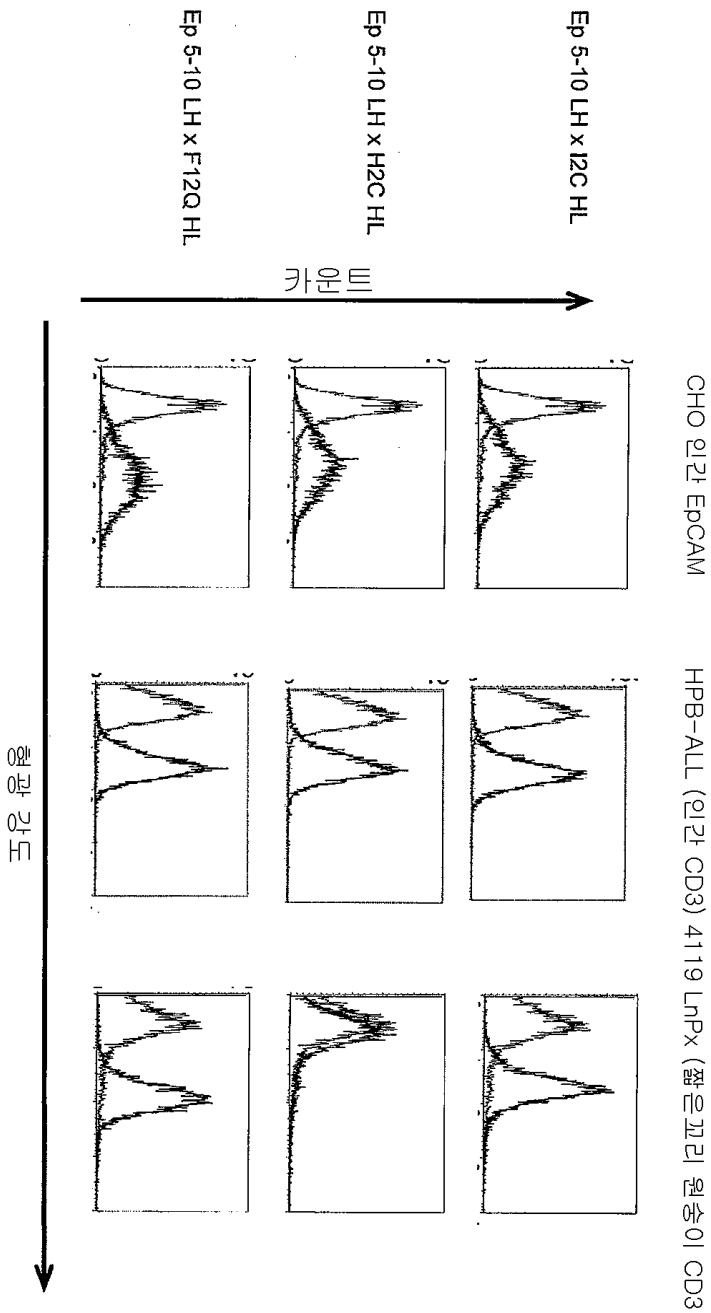
이펙터 T 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD248로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1



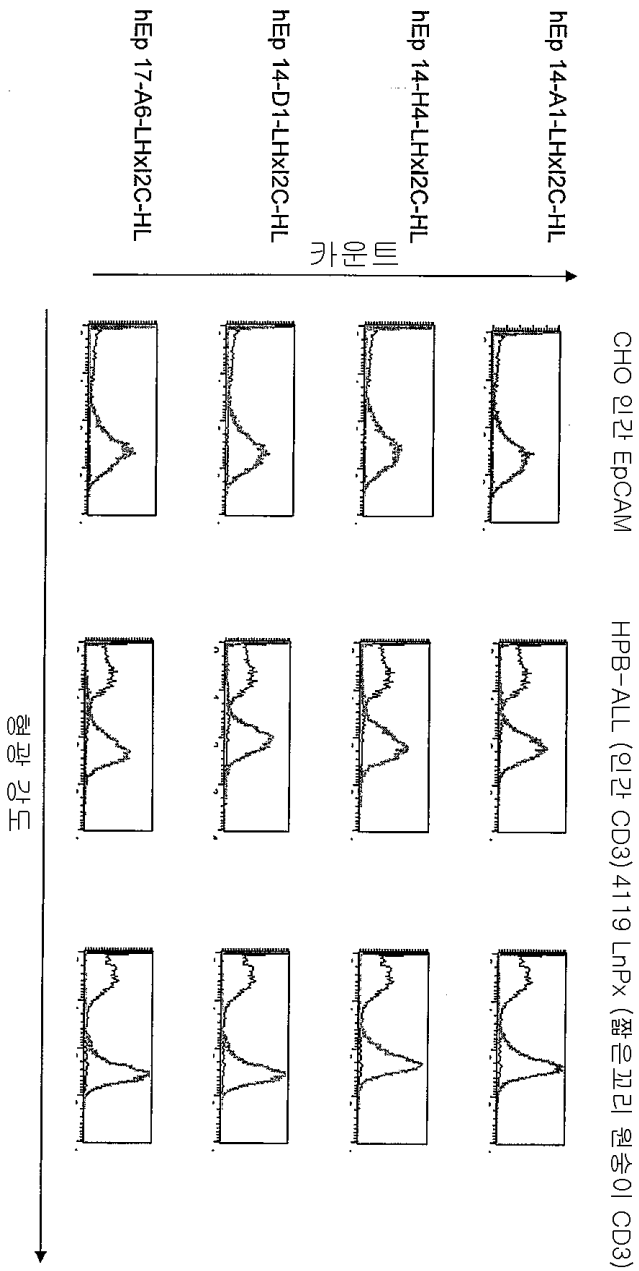
이펙터 T 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 CD248로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1



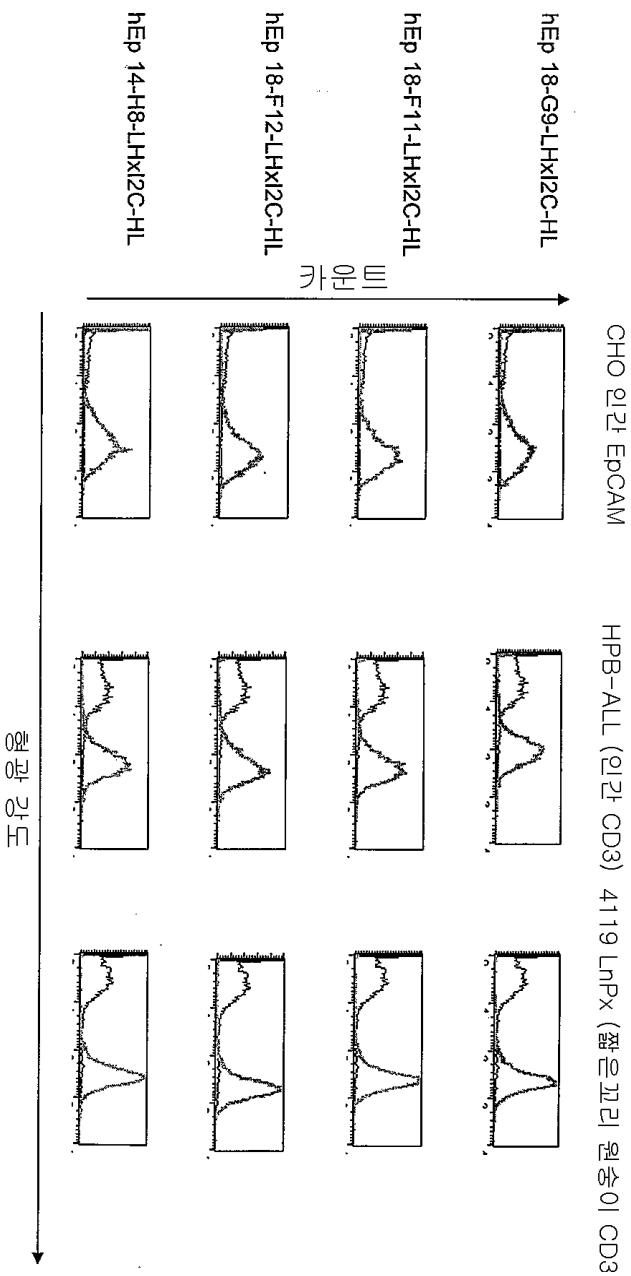
도면60a


Ep 5-10 LH x I2C HL
Ep 5-10 LH x H2C HL
Ep 5-10 LH x F12Q HL
카운트
형광 강도
CHO 인간 EpCAM
HPB-ALL (인간 CD3) 4119 LnPx (짧은꼬리 원숭이 CD3

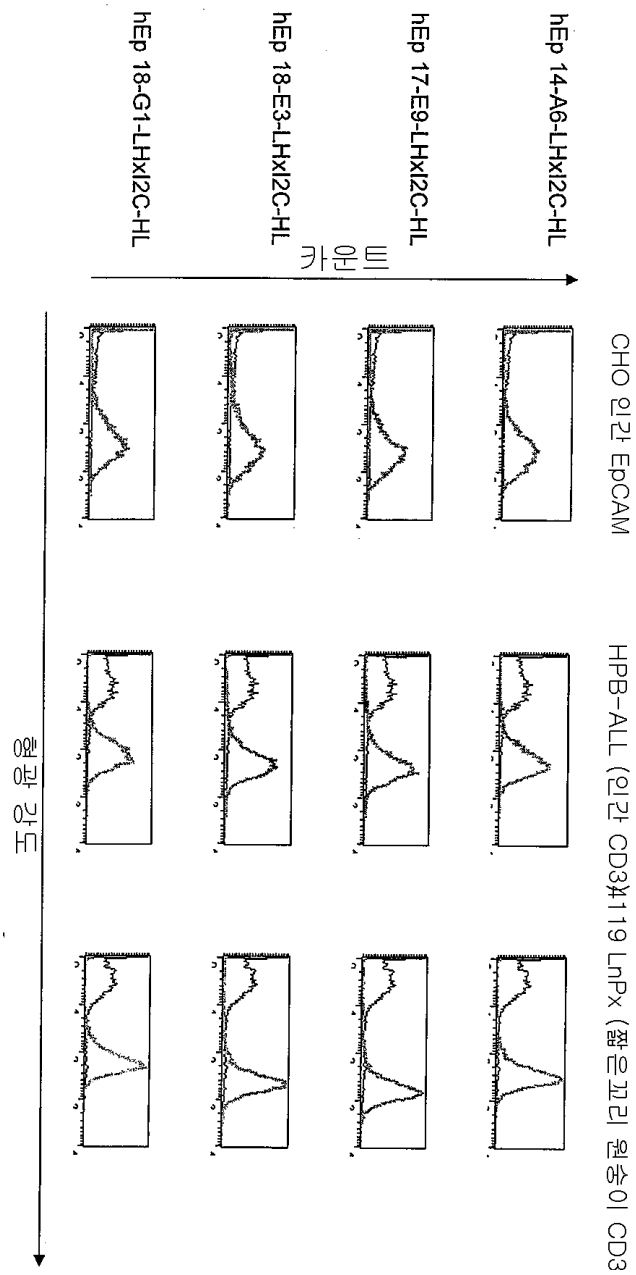
도면60b


hEp 14-A1-LHxl2C-HL
hEp 14-H4-LHxl2C-HL
hEp 14-D1-LHxl2C-HL
hEp 17-A6-LHxl2C-HL
카운트
형광 강도
CHO 인간 EpCAM
HPB-ALL (인간 CD3) 4119 LnPx (짧은꼬리 원숭이 CD3)

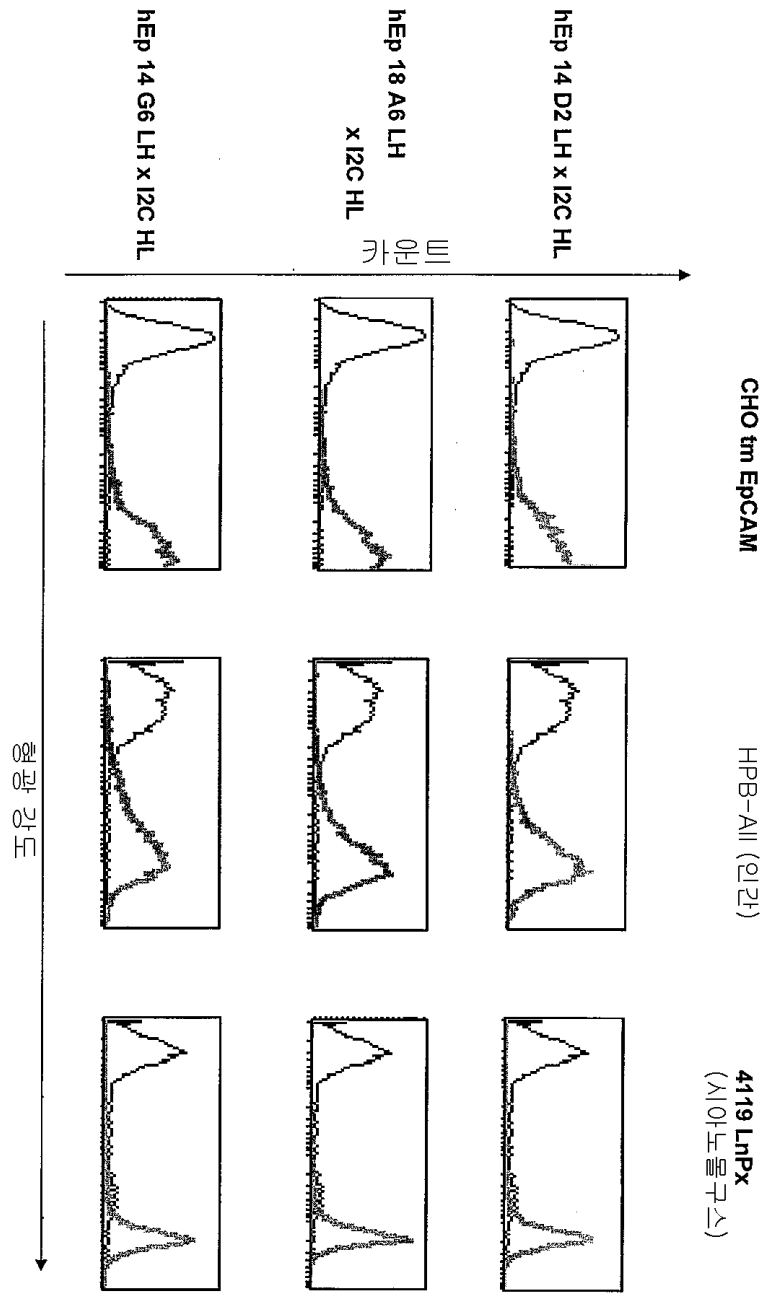
도면60c


hEp 18-G9-LHxl2C-HL
hEp 18-F11-LHxl2C-HL
hEp 18-F12-LHxl2C-HL
hEp 14-H8-LHxl2C-HL
카운트
형광 강도
CHO 인간 EpCAM
HPB-ALL (인간 CD3) 4119 LnPx (짧은꼬리 원숭이 CD3

도면60d

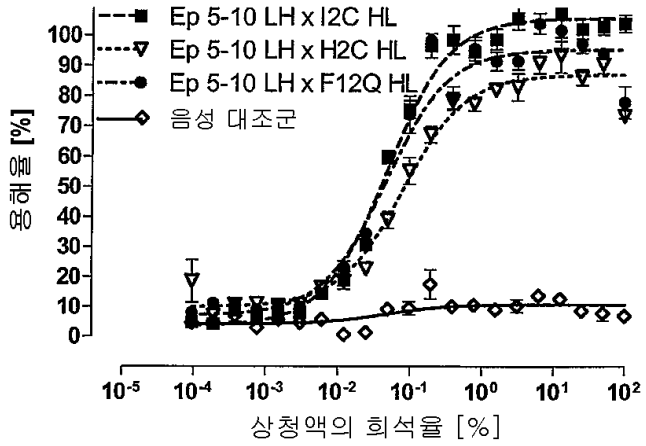

hEp 14-A6-LHxl2C-HL
hEp 17-E9-LHxl2C-HL
hEp 18-E3-LHxl2C-HL
hEp 18-G1-LHxl2C-HL
카운트
CHO 인간 EpCAM
HPB-ALL (인간 CD3ε119 LnPx (짧은꼬리 원숭이 CD3
형광 강도

도면60e


hEp 14 D2 LH x I2C HL
hEp 18 A6 LH x I2C HL
hEp 14 G6 LH x I2C HL
카운트
CHO tm EpCAM
HPB-All (인간)
4119 LnPx (시아노몰구스)
형광 강도

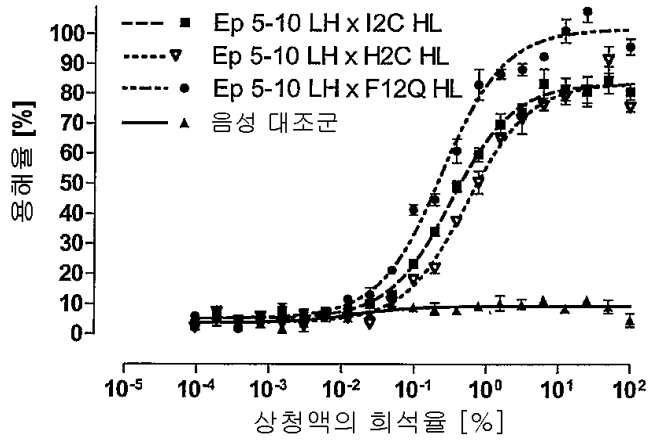
도면61a

이펙터 세포: CD56-고갈된 비자극된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



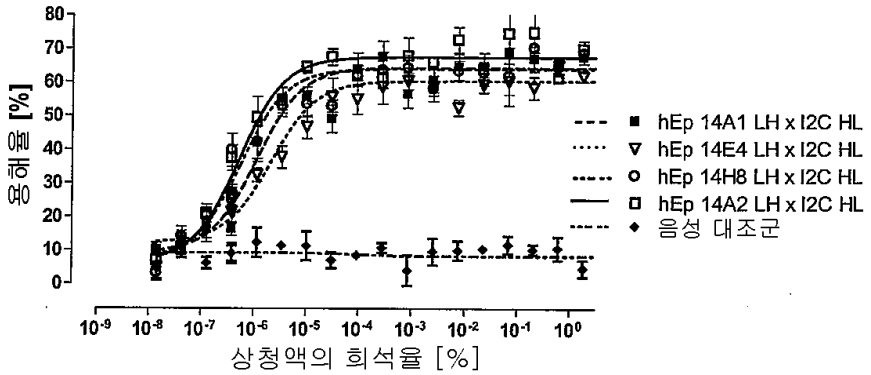
도면61b

이펙터 세포: 4119LnPx
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



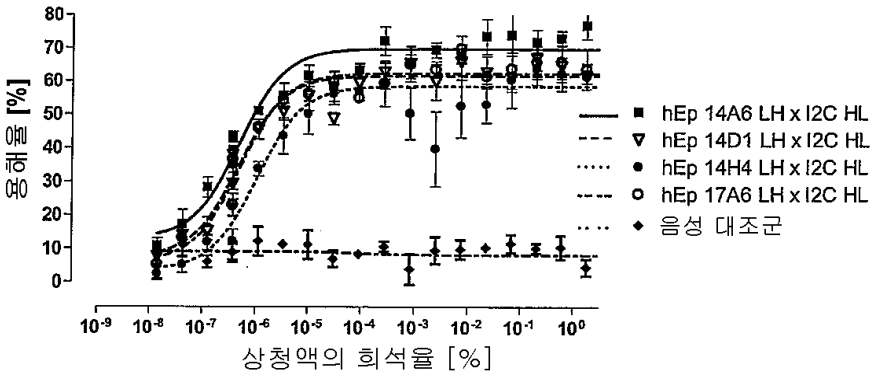
도면62a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



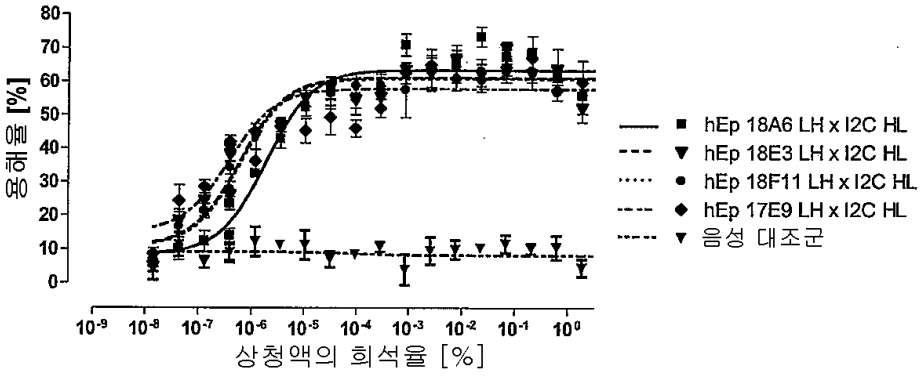
도면62b

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



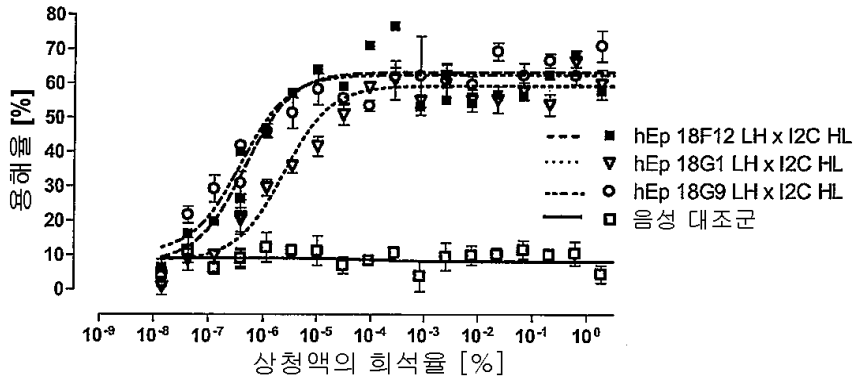
도면63a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



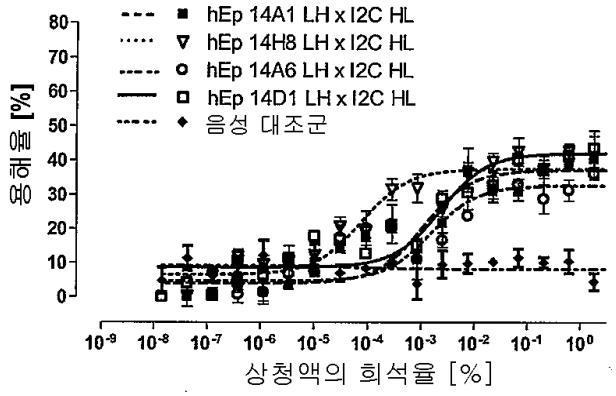
도면63b

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



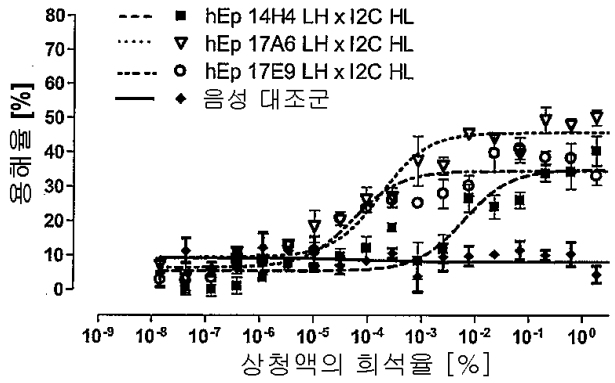
도면64a

이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



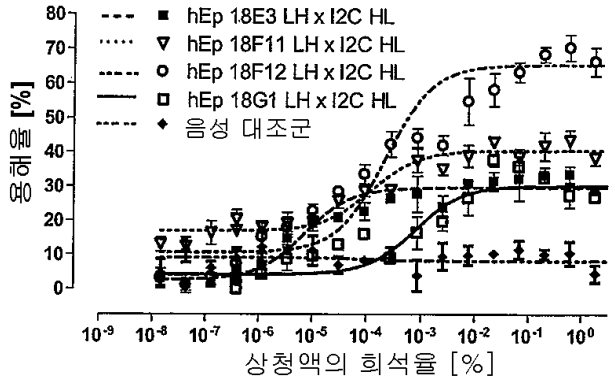
도면64b

이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



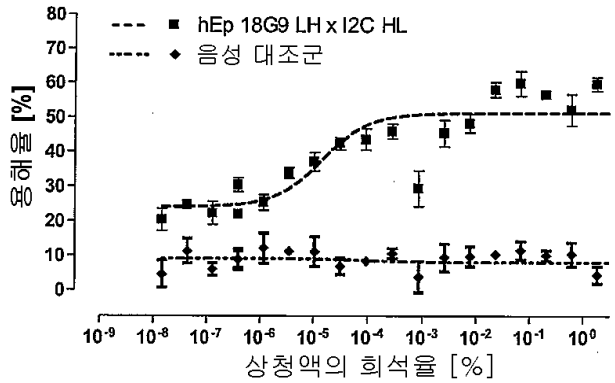
도면65a

이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



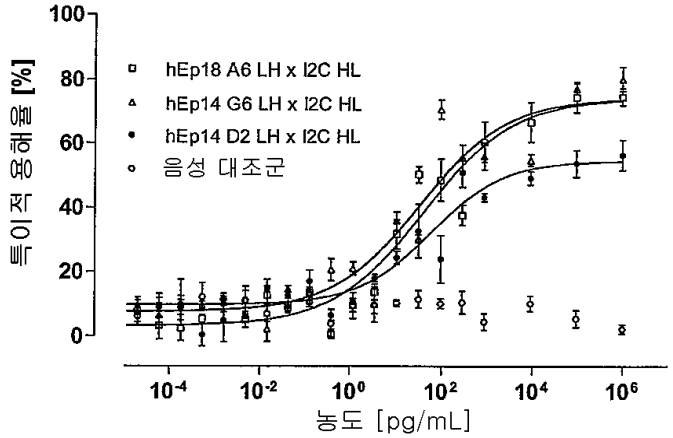
도면65b

이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



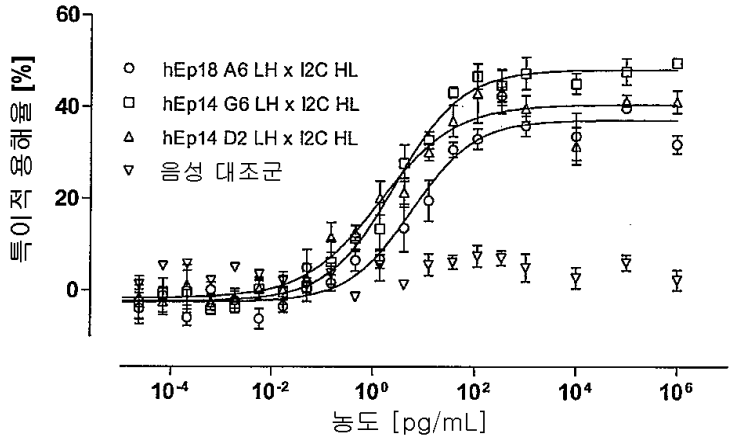
도면66a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO

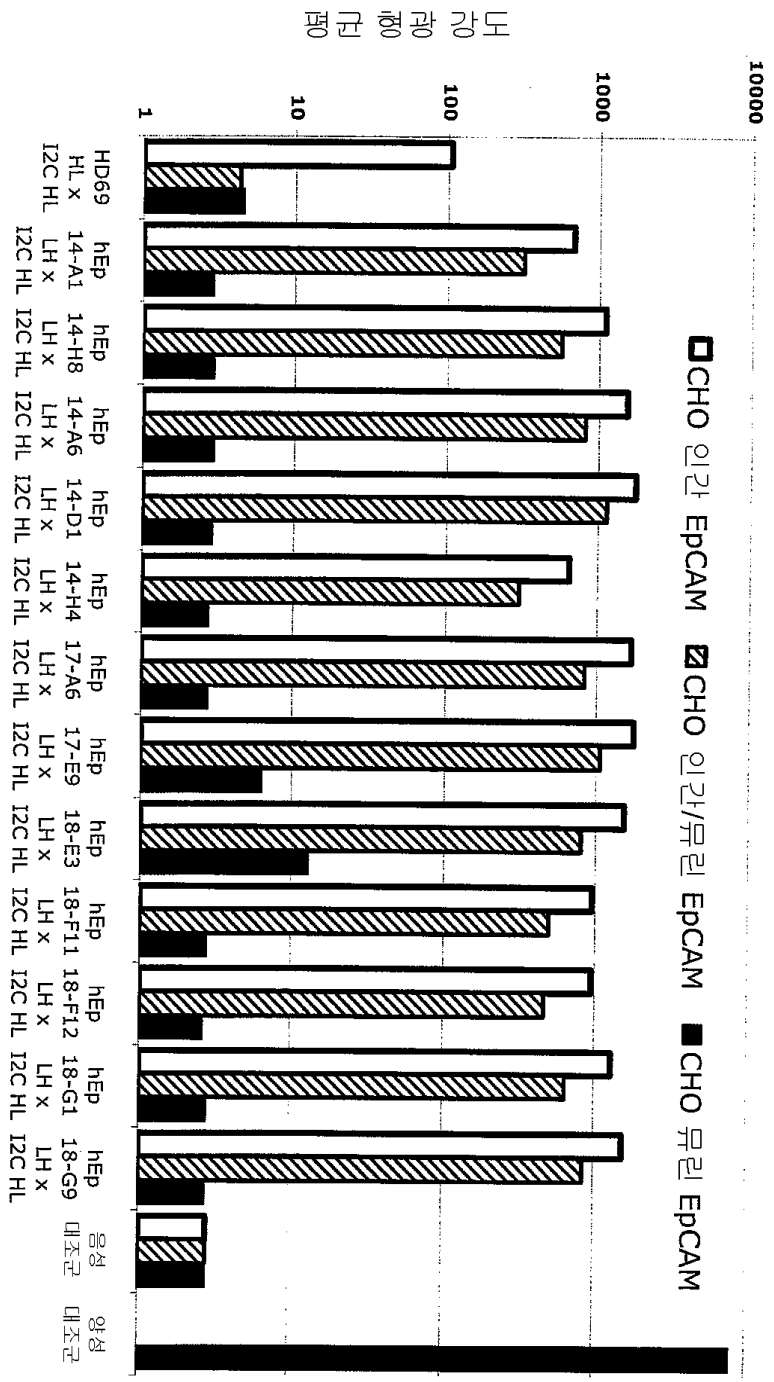


도면66b

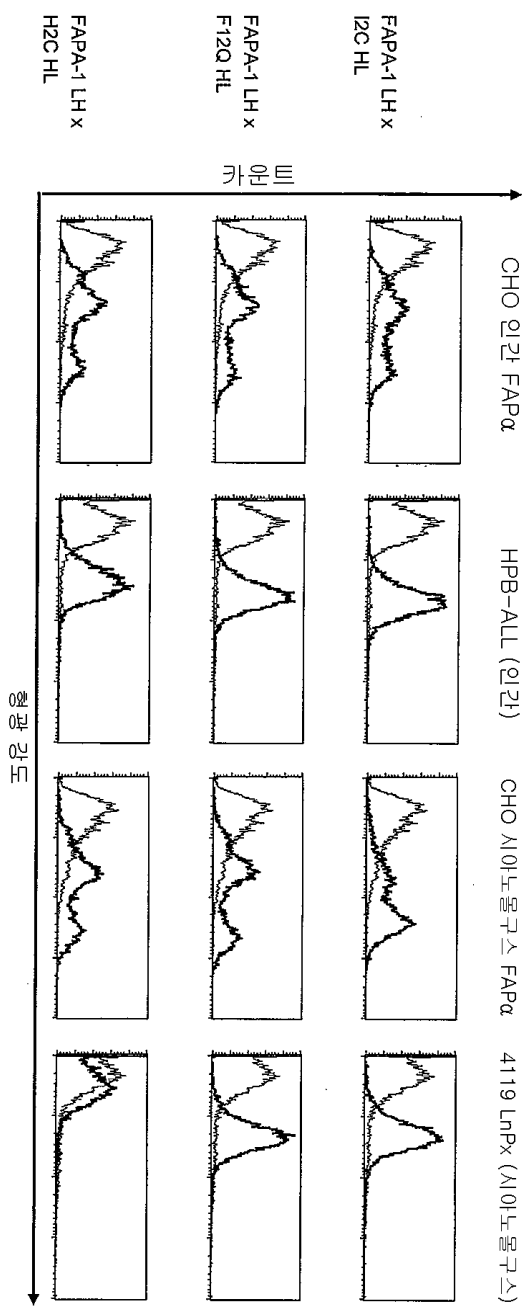
이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 인간 EpCAM으로 형질감염된 CHO



도면67

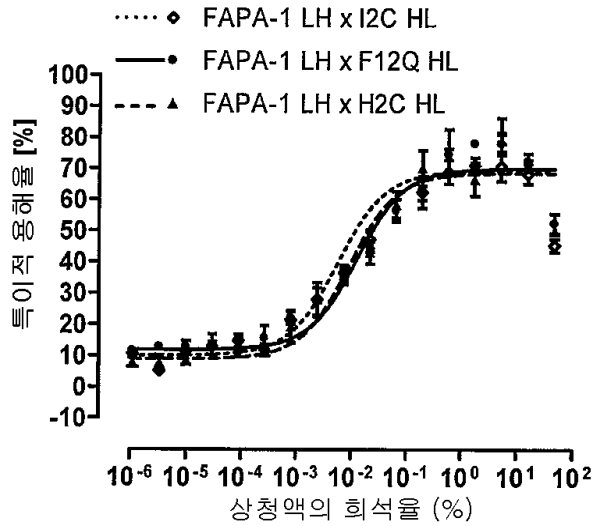

평균 형광 강도
10000
1000
100
10
1
CHO 인간 EpCAM
CHO 인간/뮤린 EpCAM
CHO 뮤린 EpCAM
HD69 HL x I2C HL
hEp 14-A1 LH x I2C HL
hEp 14-H8 LH x I2C HL
hEp 14-A6 LH x I2C HL
hEp 14-D1 LH x I2C HL
hEp 14-H4 LH x I2C HL
hEp 17-A6 LH x I2C HL
hEp 17-E9 LH x I2C HL
hEp 18-E3 LH x I2C HL
hEp 18-F11 LH x I2C HL
hEp 18-F12 LH x I2C HL
hEp 18-G1 LH x I2C HL
hEp 18-G9 LH x I2C HL
음성 대조군
양성 대조군

도면68

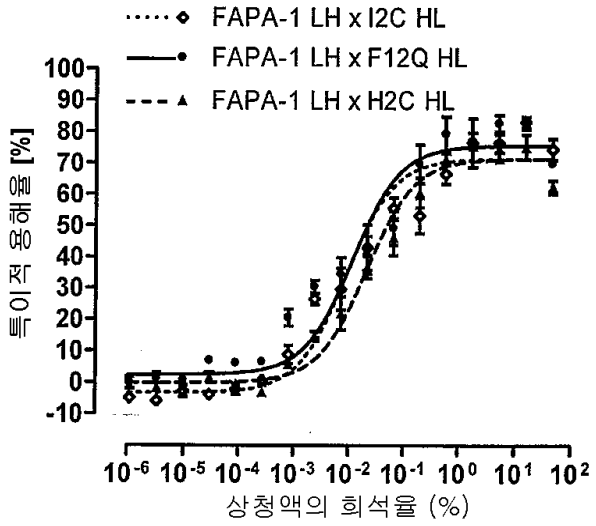

FAPA-1 LH x I2C HL
FAPA-1 LH x F12Q HL
FAPA-1 LH x H2C HL
카운트
형광 강도
CHO 인간 FAPα
HPB-ALL (인간)
CHO 시아노몰구스 FAPα
4119 LnPx (시아노몰구스)

도면69

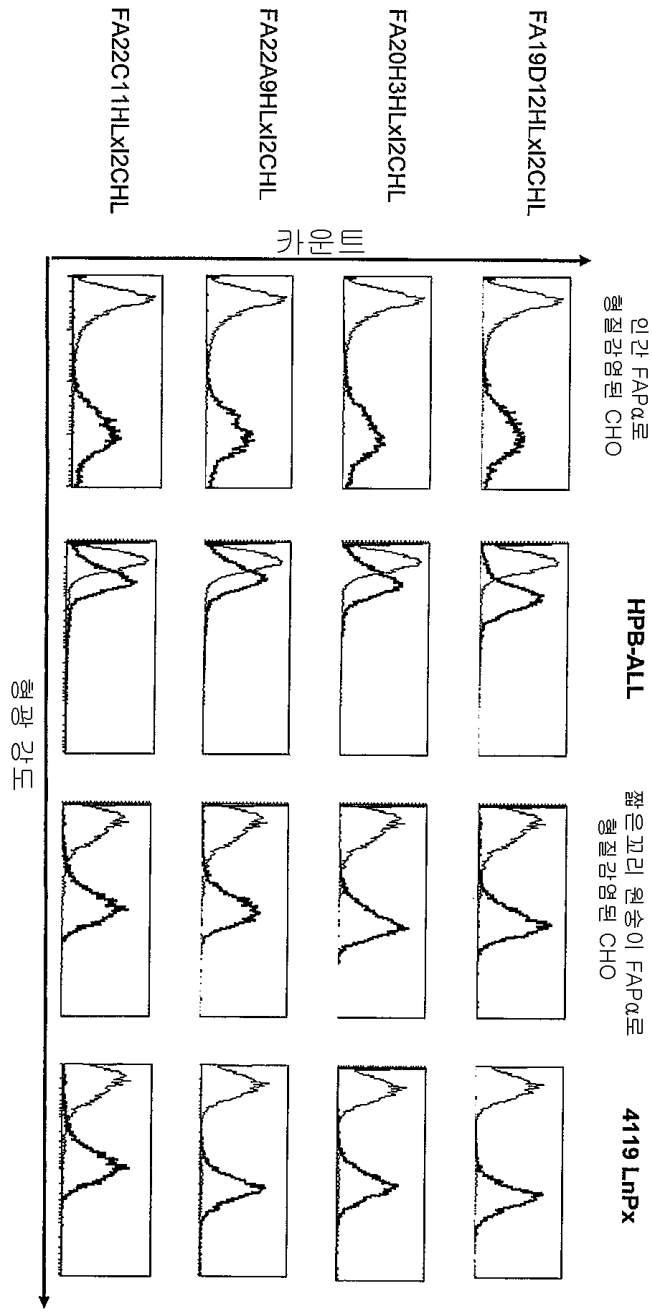
이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 FAPα로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1



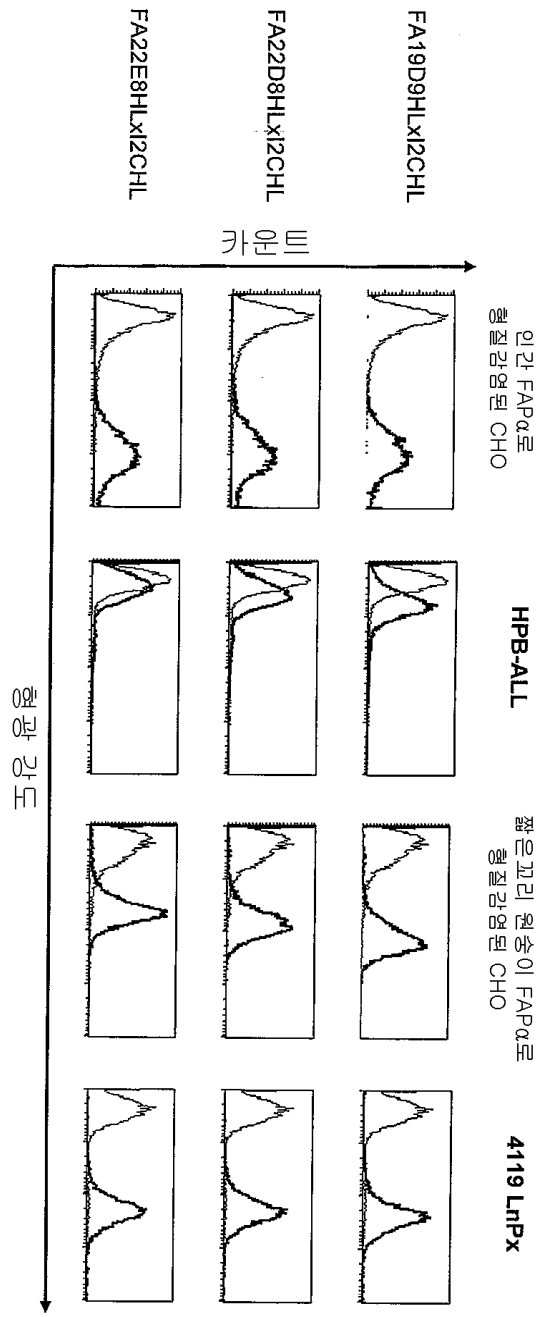
이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1



도면70a

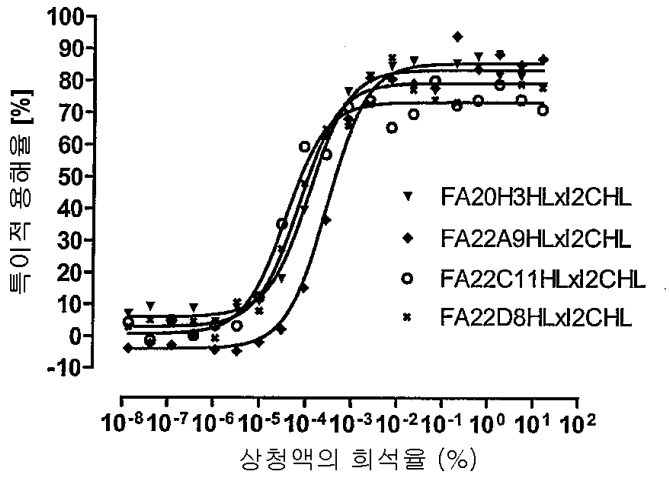

FA19D12HLxI2CHL
FA20H3HLxI2CHL
FA22A9HLxI2CHL
FA22C11HLxI2CHL
카운트
형광 강도
인간 FAPα로 형질감염된 CHO
HPB-ALL
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO
4119 LnPx

도면70b

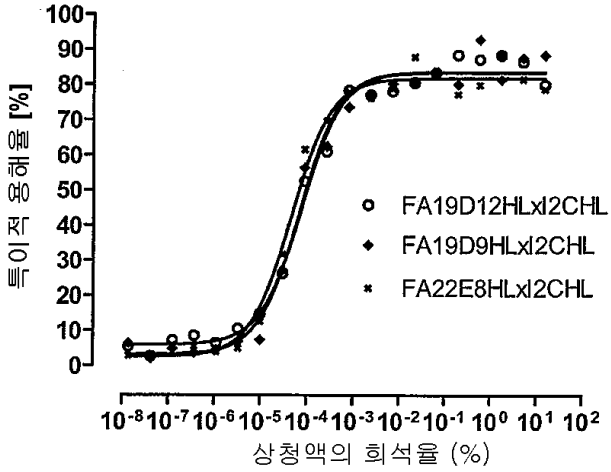

FA19D9HLxl2CHL
FA22D8HLxl2CHL
FA22E8HLxl2CHL
카운트
형광 강도
인간 FAPα로 형질감염된 CHO
HPB-ALL
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO
4119 LnPx

도면71a

이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 FAPα로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

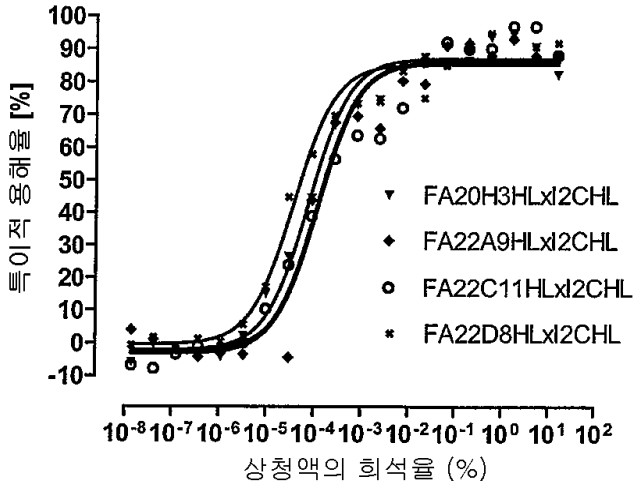


이펙터 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 FAPα로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1

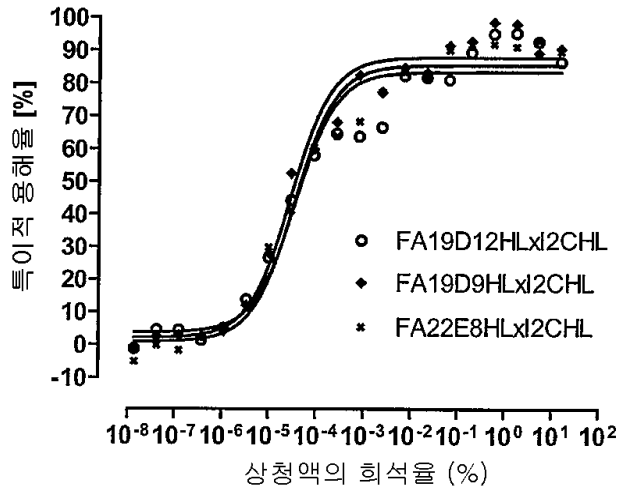


도면71b

이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1



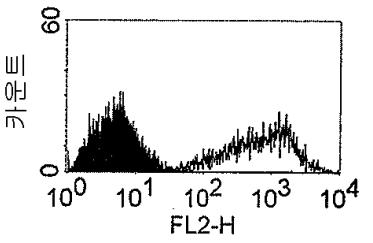
이펙터 세포: 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO
E:T 비: 10:1



도면72a

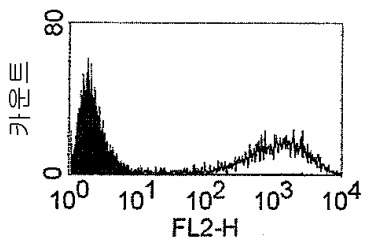
인간 FAPα로 형질감염된 CHO

FA86F2HL



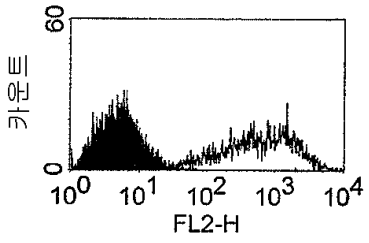
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO

FA86F2HL



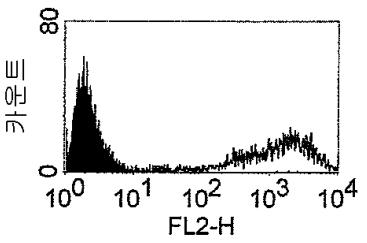
인간 FAPα로 형질감염된 CHO

FA86F10HL



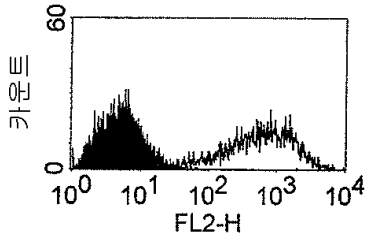
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO

FA86F10HL



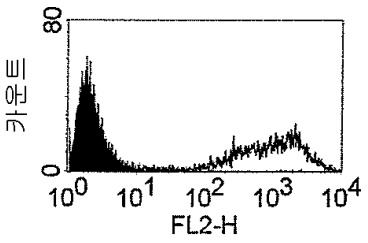
인간 FAPα로 형질감염된 CHO

FA86F12HL



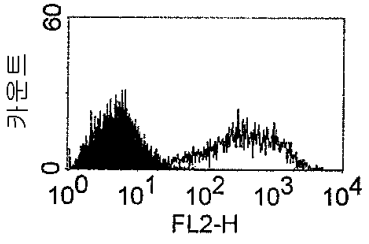
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO

FA86F12HL



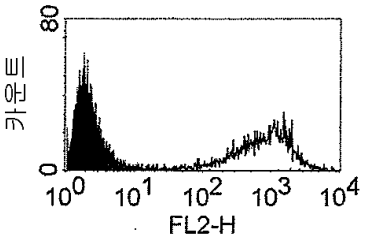
인간 FAPα로 형질감염된 CHO

FA87G9HL



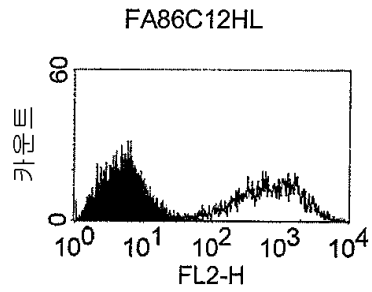
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO

FA87G9HL

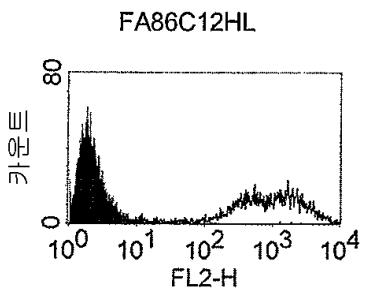


도면72b

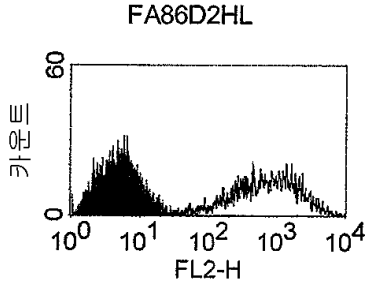
인간 FAPα로 형질감염된 CHO



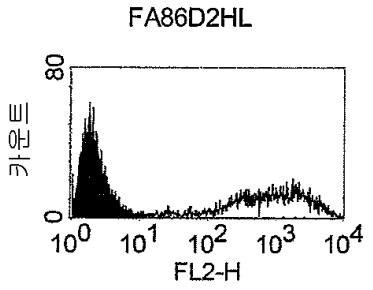
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO



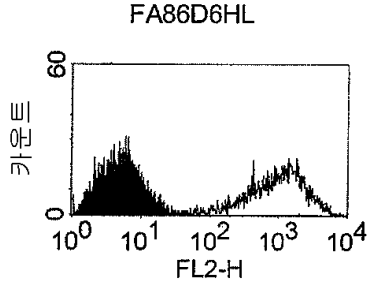
인간 FAPα로 형질감염된 CHO



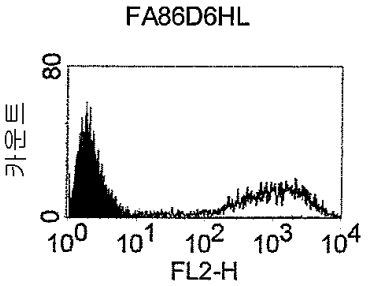
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO



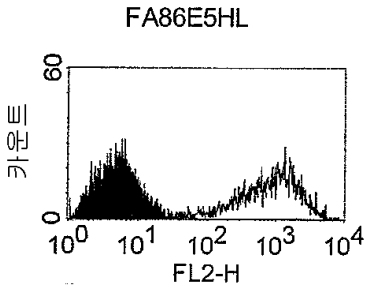
인간 FAPα로 형질감염된 CHO



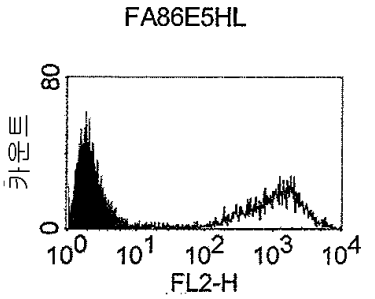
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO



인간 FAPα로 형질감염된 CHO



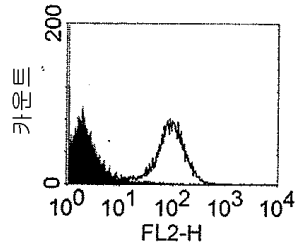
짧은꼬리 원숭이 FAPα로 형질감염된 CHO



도면73a

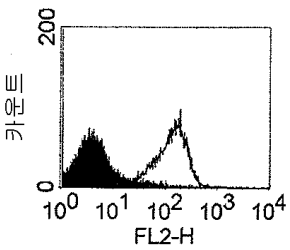
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R2HLxI2CHL



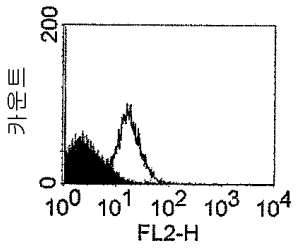
HPB-ALL

IGF1R2HLxI2CHL



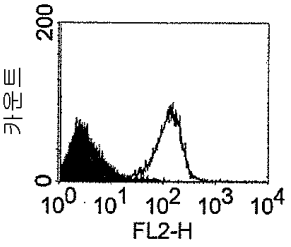
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R2HLxI2CHL



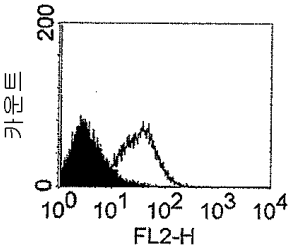
4119LnPx

IGF1R2HLxI2CHL



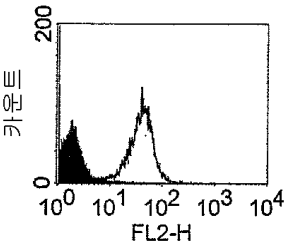
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R7HLxI2CHL



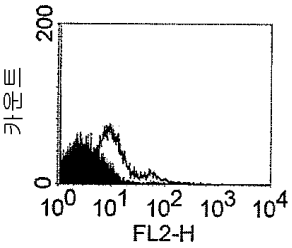
HPB-ALL

IGF1R7HLxI2CHL



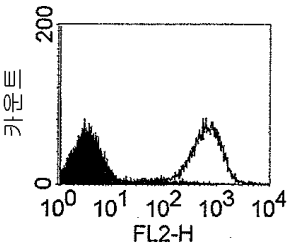
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R7HLxI2CHL



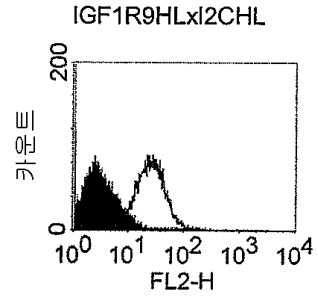
4119LnPx

IGF1R7HLxI2CHL

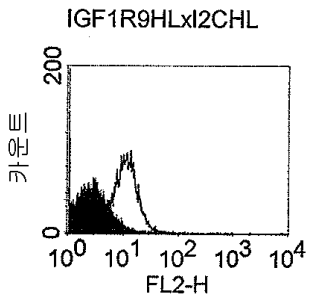


도면73b

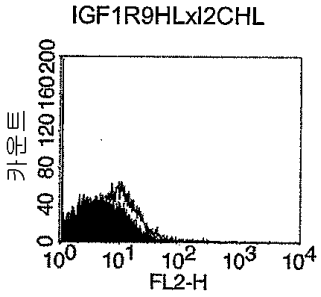
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



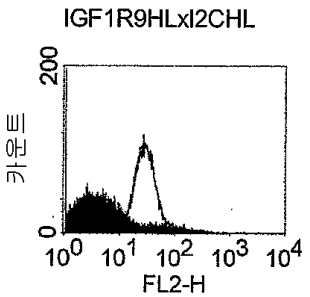
HPB-ALL



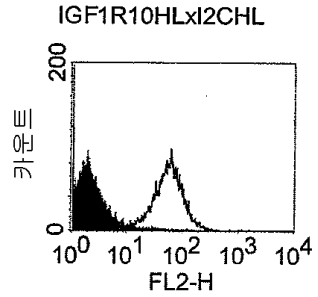
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO



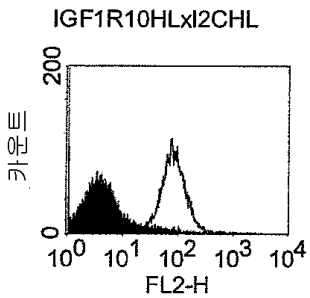
4119LnPx



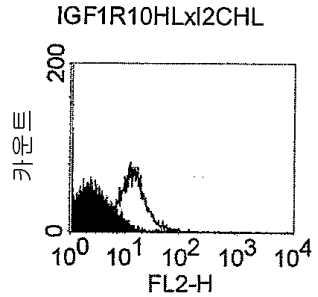
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



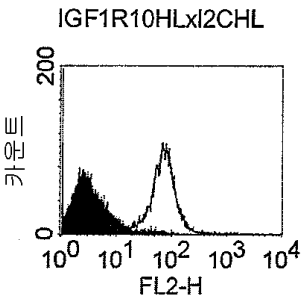
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO



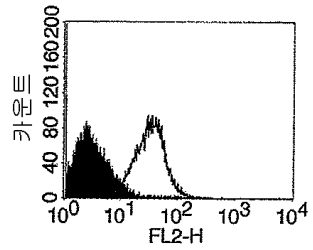
4119LnPx



도면73c

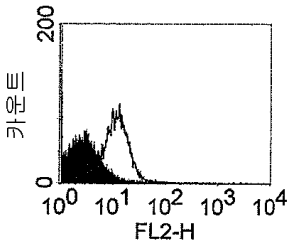
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R11HLxl2CHL



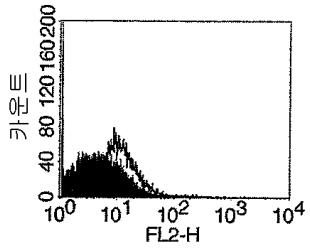
HPB-ALL

IGF1R11HLxl2CHL



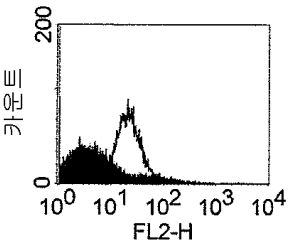
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R11HLxl2CHL



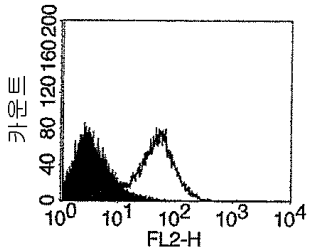
4119LnPx

IGF1R11HLxl2CHL



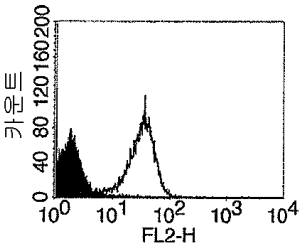
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R12HLxl2CHL



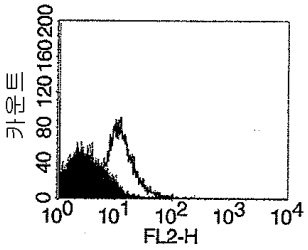
HPB-ALL

IGF1R12HLxl2CHL



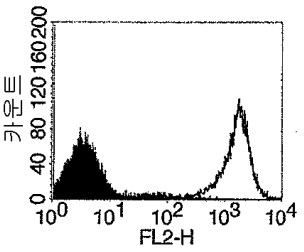
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R12HLxl2CHL



4119LnPx

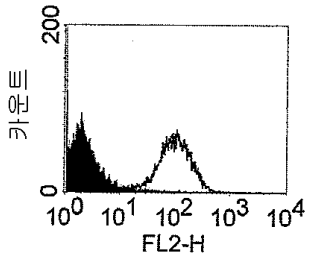
IGF1R12HLxl2CHL



도면73d

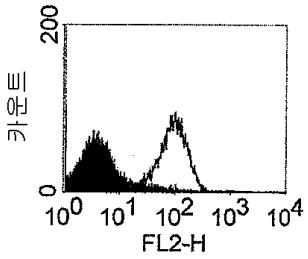
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R13HLxI2CHL



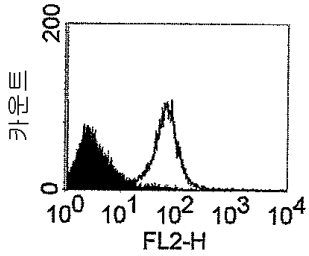
HPB-ALL

IGF1R13HLxI2CHL



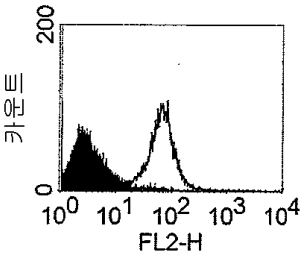
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R13HLxI2CHL



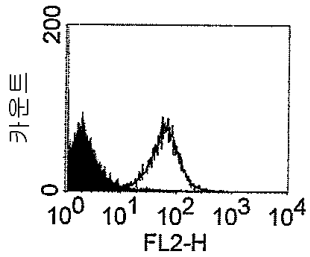
4119LnPx

IGF1R13HLxI2CHL



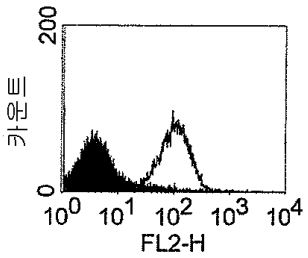
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R15HLxI2CHL



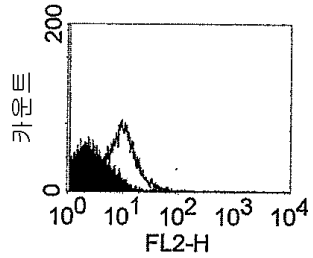
HPB-ALL

IGF1R15HLxI2CHL



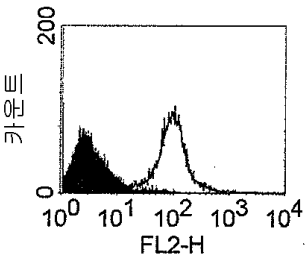
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R15HLxI2CHL



4119LnPx

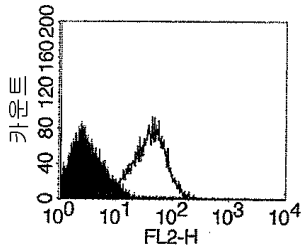
IGF1R15HLxI2CHL



도면73e

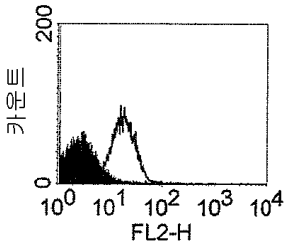
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R16HLxI2CHL



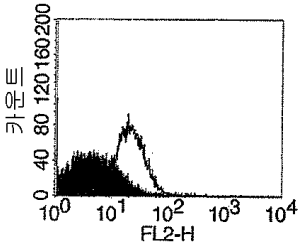
HPB-ALL

IGF1R16HLxI2CHL



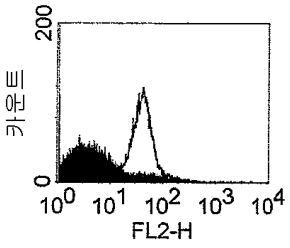
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R16HLxI2CHL



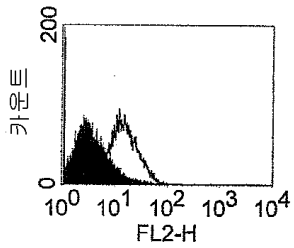
4119LnPx

IGF1R16HLxI2CHL



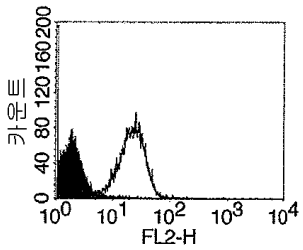
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R17HLxI2CHL



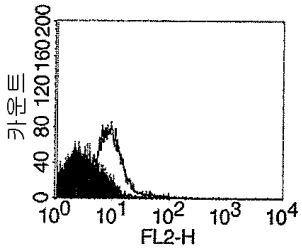
HPB-ALL

IGF1R17HLxI2CHL



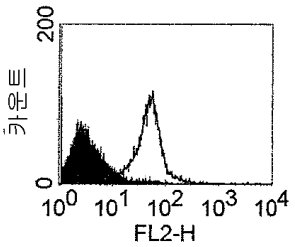
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

IGF1R17HLxI2CHL



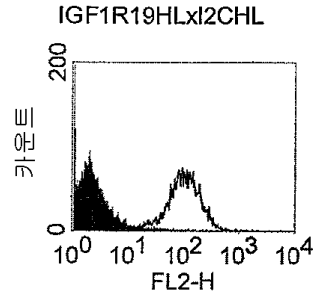
4119LnPx

IGF1R17HLxI2CHL

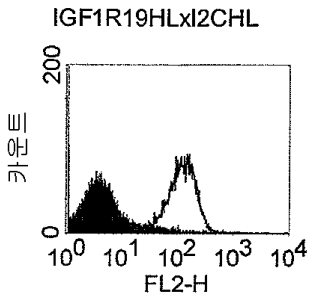


도면73f

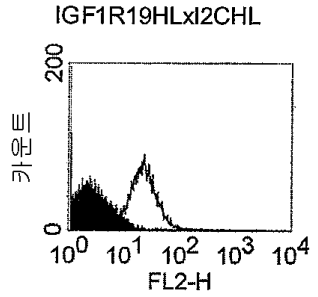
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



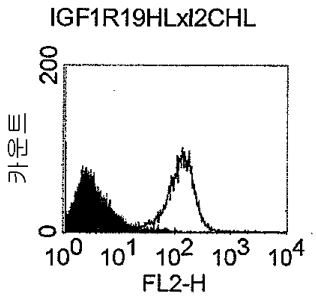
HPB-ALL



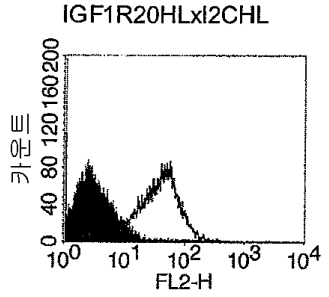
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO



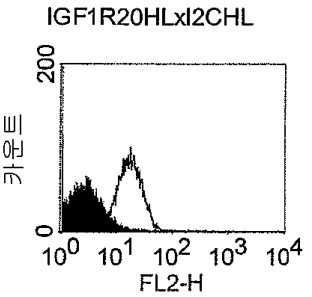
4119LnPx



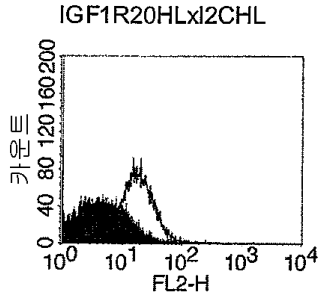
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



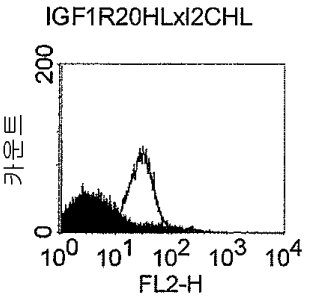
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

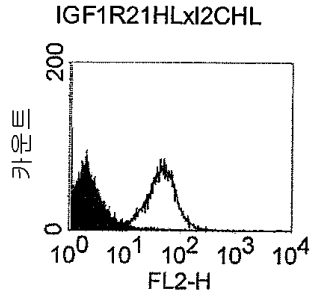


4119LnPx

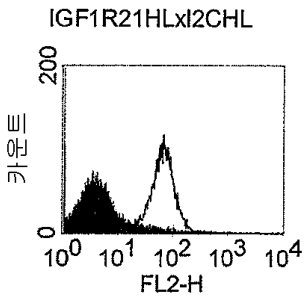


도면73g

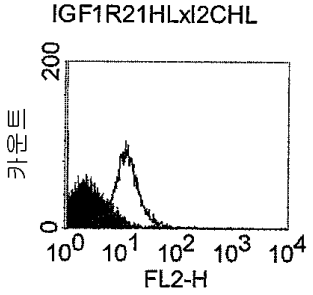
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



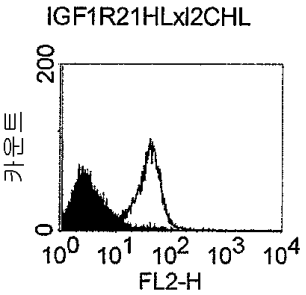
HPB-ALL



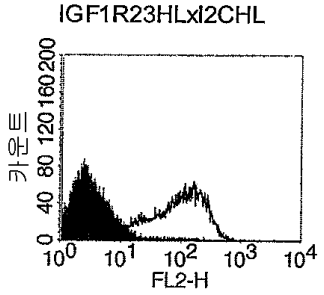
짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO



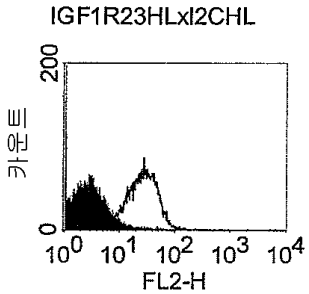
4119LnPx



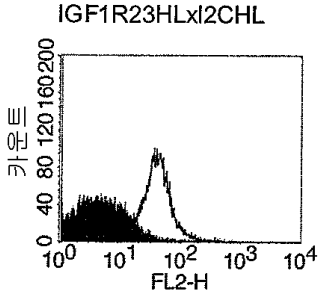
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



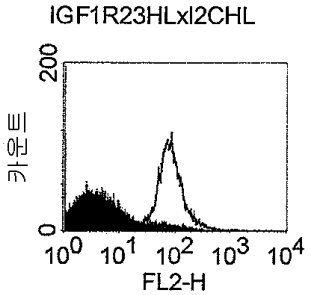
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

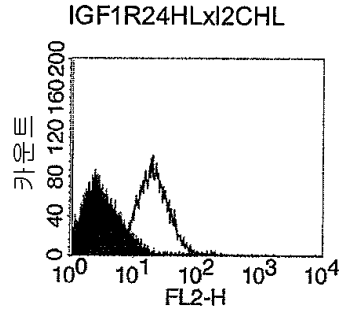


4119LnPx

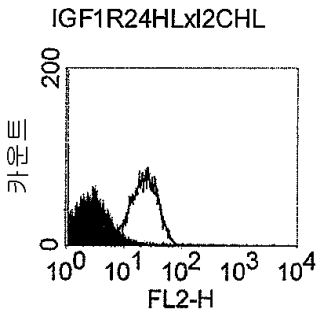


도면73h

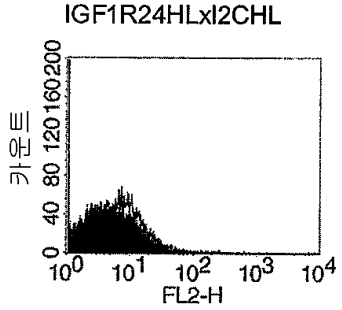
인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



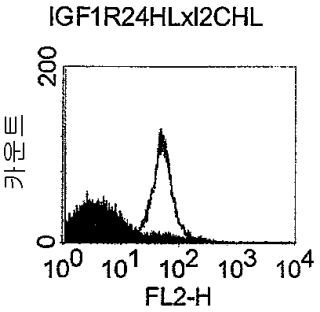
HPB-ALL



짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO



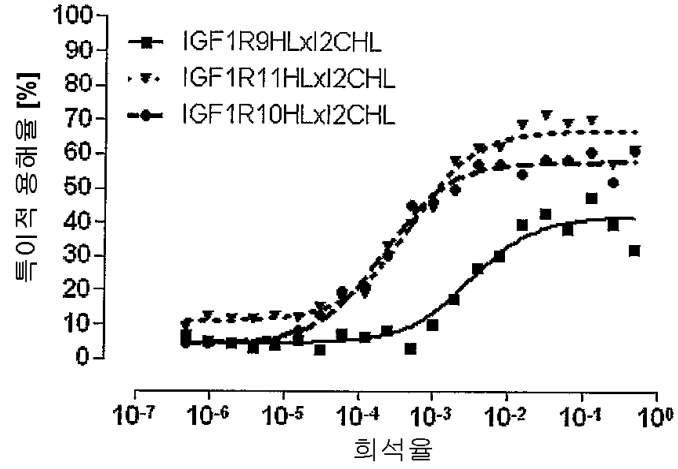
4119LnPx



도면74a

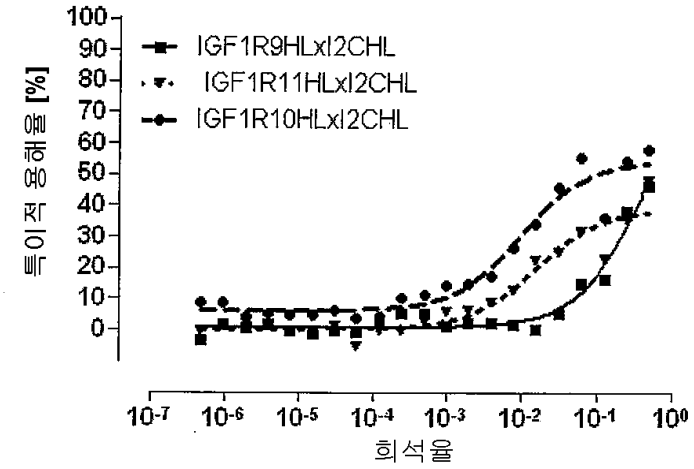
이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC

표적 세포: 인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



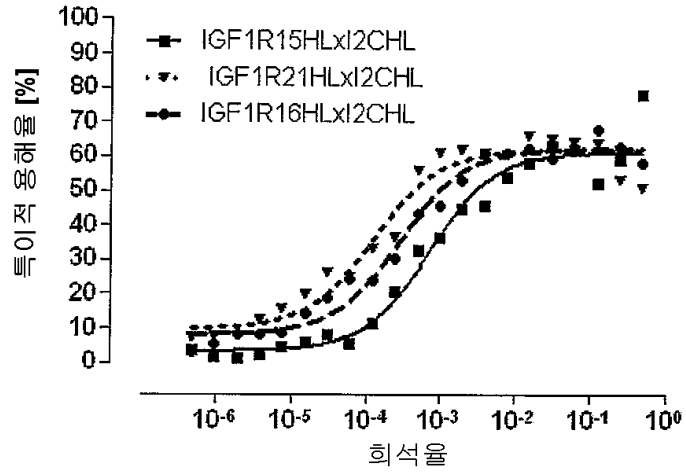
이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx

표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

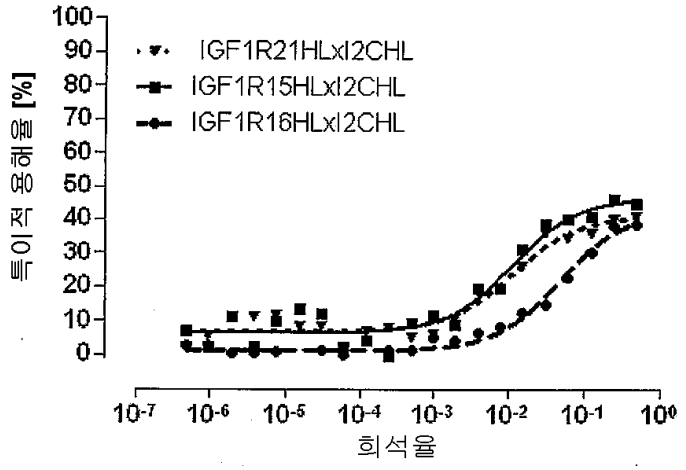


도면74b

이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



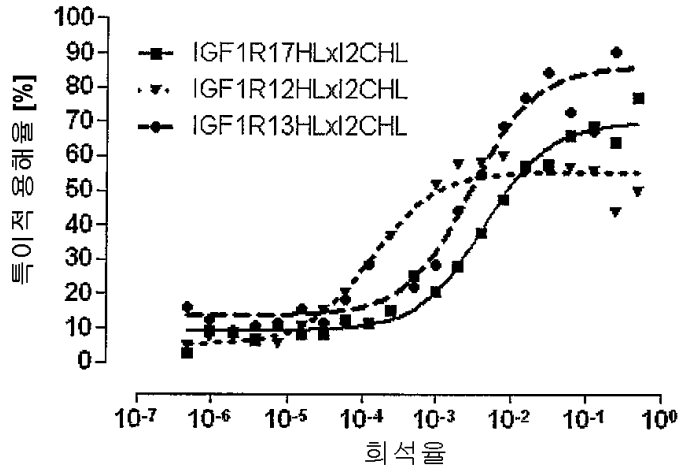
이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO



도면74c

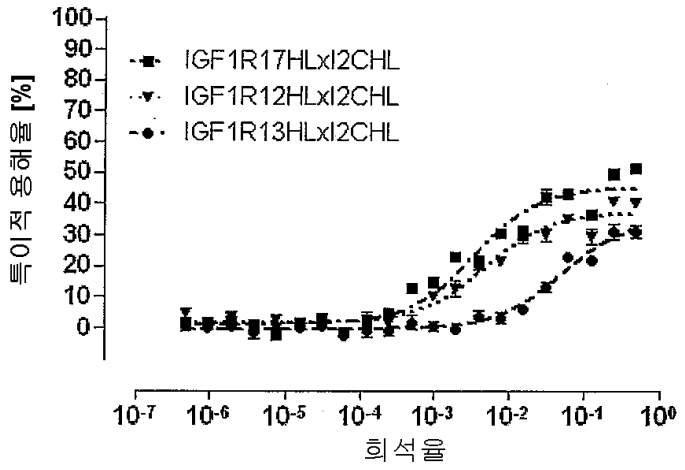
이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC

표적 세포: 인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



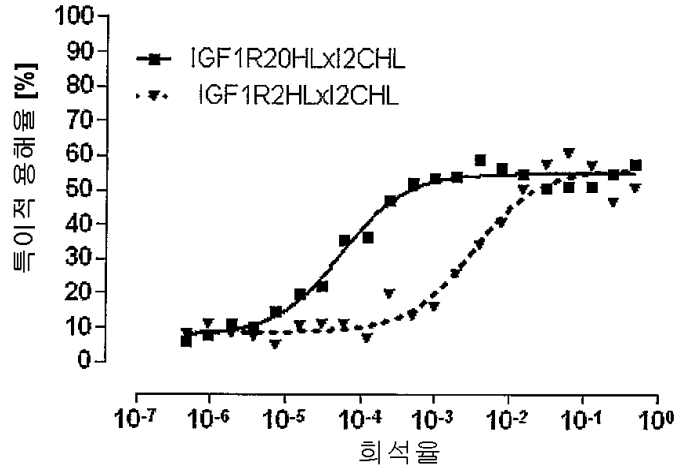
이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx

표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

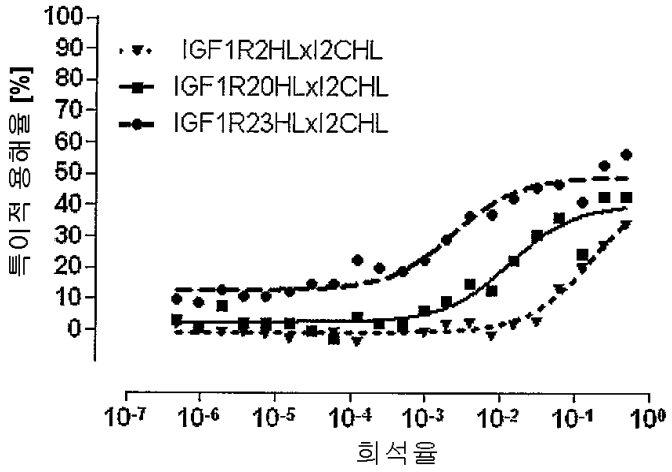


도면74d

이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO

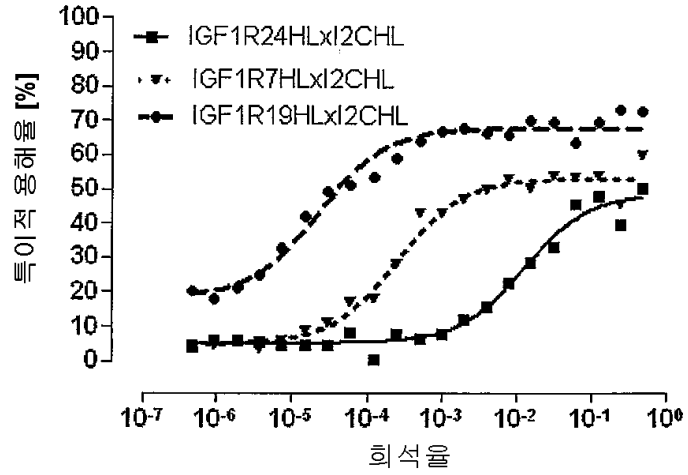


이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO

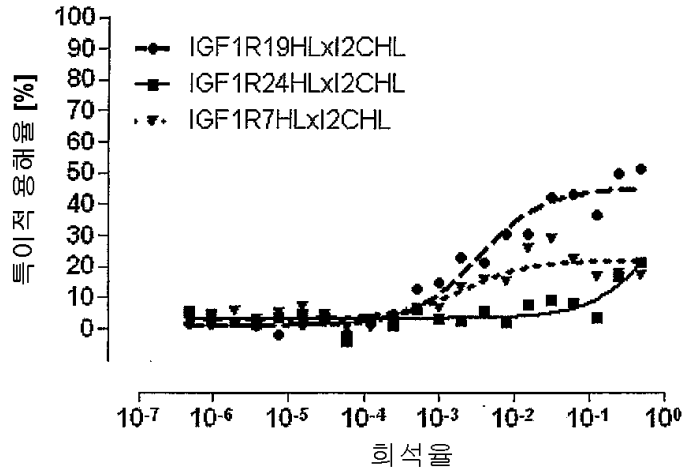


도면74e

이펙터 T 세포: 자극된 CD4/CD56-고갈된 인간 PBMC
표적 세포: 인간 IGF-1R로 형질감염된 CHO



이펙터 T 세포: 짧은꼬리 원숭이 4119 LnPx
표적 세포: 짧은꼬리 원숭이 IGF-1R로 형질감염된 CHO



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> Micromet AG

<120> Cross-species-specific PSCAxCD3, CD19xCD3, C-METxCD3, EndosialinxCD3, EpCAMxCD3, IGF-1RxCD3 or FAPalphaxCD3 bispecific single chain antibody

<130> MIM13276PCT (42-91/PCT)

<140> PCT/EP2009/062792

<141> 2009-10-01

<150> 61/101,850

<151> 2008-10-01

<150> 61/101,853

<151> 2008-10-01

<150> 61/101,846

<151> 2008-10-01

<150> 61/101,844

<151> 2008-10-01

<150> 61/101,921

<151> 2008-10-01

<150>

61/101,927

<151> 2008-10-01

<150> 61/101,933

<151> 2008-10-01

<160> 2227

<170> PatentIn version 3.3

<210> 1

<211> 105

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys
1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Ile Leu Trp Gln His Asn Asp Lys Asn Ile Gly Gly Asp
35 40 45

Glu Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu Asp His Leu Ser Leu Lys
50 55 60

Glu Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser Gly Tyr Tyr Val Cys Tyr Pro Arg
65 70 75 80

Gly Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu Arg Ala Arg
85 90 95

Val Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp

100 105

<210> 2

<211> 27

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr

20 25

<210> 3

<211> 96

<212> PRT

<213> Callithrix jacchus

<400> 3

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr Cys Pro Arg Tyr Asp

20 25 30

Gly His Glu Ile Lys Trp Leu Val Asn Ser Gln Asn Lys Glu Gly His

35 40 45

Glu Asp His Leu Leu Leu Glu Asp Phe Ser Glu Met Glu Gln Ser Gly

50 55 60

Tyr Tyr Ala Cys Leu Ser Lys Glu Thr Pro Ala Glu Glu Ala Ser His

65 70 75 80

Tyr Leu Tyr Leu Lys Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Val Glu Val Asp

85 90 95

<210> 4

<211> 27

<212> PRT

<213> Callithrix jacchus

<400> 4

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys
1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr
20 25

<210> 5

<211> 96

<212> PRT

<213> Saguinus oedipus

<400> 5

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys
1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr Cys Pro Arg Tyr Asp
20 25 30

Gly His Glu Ile Lys Trp Leu Val Asn Ser Gln Asn Lys Glu Gly His
35 40 45

Glu Asp His Leu Leu Leu Glu Asp Phe Ser Glu Met Glu Gln Ser Gly
50 55 60

Tyr Tyr Ala Cys Leu Ser Lys Glu Thr Pro Ala Glu Glu Ala Ser His
65 70 75 80

Tyr Leu Tyr Leu Lys Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Val Glu Val Asp
85 90 95

<210> 6

<211> 27

<212> PRT

<213> Saguinus oedipus

<400> 6

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys
1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr
20 25

<210> 7

<211> 96

<212> PRT

<213> Saimiri sciureus

<400> 7

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Ile Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr Cys Pro Arg Tyr Asp

20 25 30

Gly Gln Glu Ile Lys Trp Leu Val Asn Asp Gln Asn Lys Glu Gly His

35 40 45

Glu Asp His Leu Leu Leu Glu Asp Phe Ser Glu Met Glu Gln Ser Gly

50 55 60

Tyr Tyr Ala Cys Leu Ser Lys Glu Thr Pro Thr Glu Glu Ala Ser His

65 70 75 80

Tyr Leu Tyr Leu Lys Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Val Glu Val Asp

85 90 95

<210> 8

<211> 27

<212> PRT

<213> Saminiri sciureus

<400> 8

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Ile Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr

20 25

<210> 9

<211

> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of F6A

<400> 9

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 10

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of F6A

<400> 10

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 11

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of F6A

<400> 11

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 12

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of F6A

<400> 12

Ile Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 13

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of F6A

<400> 13

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Ser

<210> 14

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of F6A

<400> 14

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Phe Phe Ala Tyr
1 5 10

<210> 15

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of F6A

<400> 15

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ile Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Ser Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Phe Phe
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 16

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of F6A

<400> 16

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat atctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aagcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacgtatcc ttcttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 17

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of F6A

<400> 17

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 18

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of F6A

<400> 18

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 19

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of F6A

<400> 19

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

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ile Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Ser Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Phe Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 20

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of F6A

<400> 20

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat atctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aagcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacgtatcc ttcttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 21

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of F6A

<400> 21

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 22

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of F6A

<400> 22

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 23

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of F6A

<400> 23

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ile Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Ser Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Phe Phe
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 24
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL of F6A
<400> 24
gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat atctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180
tattatgccg attcagtgaa aagcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacgtatcc ttcttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 25

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of F6A

<400> 25

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

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ile Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Ser Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Phe Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val

130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu

195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 26
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL-P of F6A
<400> 26

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60
tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat atctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180
tattatgccg attcagtgaa aagcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacgtatcc ttcttcgctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660
cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 27

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of H2C

<400> 27

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 28

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of H2C

<400> 28

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 29

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of H2C

<400> 29

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 30

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of H2C

<400> 30

Lys Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 31

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of H2C

<400> 31

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Asp

<210> 32

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of H2C

<400> 32

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

1 5 10

<210> 33

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of H2C

<400> 33

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 34

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of H2C

<400> 34

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 35

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of H2C

<400> 35

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

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

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 36
<211> 327
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VL of H2C
<400> 36
cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240
cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 37
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-P of H2C
<400> 37
Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 38
<211> 375
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-P of H2C
<400> 38

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60
tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180
tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctca 375

<210> 39
<211> 109
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VL-P of H2C
<400> 39

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

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 40

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of H2C

<400> 40

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 41

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of H2C

<400> 41

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 42

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of H2C

<400> 42

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 43

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of H2C

<400> 43

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 44

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of H2C

<400> 44

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 45

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of H1E

<400> 45

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 46

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of H1E

<400> 46

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 47

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of H1E

<400> 47

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 48

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of H1E

<400> 48

Ser Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 49

<211

> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of H1E

<400> 49

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 50

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of H1E

<400> 50

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Phe Trp Ala Tyr

1 5 10

<210> 51

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of H1E

<400> 51

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Glu Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

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

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Phe Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 52

<211> 374

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of H1E

<400> 52

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggagcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat tcgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacctatcc ttctgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctc 374

<210> 53

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of H1E

<400> 53

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 54

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of H1E

<400> 54

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 55

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of H1E

<400> 55

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Glu Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

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

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Phe Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 56

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of H1E

<400> 56

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggagcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat tcgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacctatcc ttctgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 57

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of H1E

<400> 57

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 58

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of H1E

<400> 58

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 59

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of H1E

<400> 59

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Glu Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

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

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Phe Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190

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

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 60

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of H1E

<400> 60

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggagcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat tcgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacctatcc ttctgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 61

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of H1E

<400> 61

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Glu Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr

20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Phe Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu

145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 62

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of H1E

<400> 62

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggagcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat tcgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacctatcc ttctgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 63

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of G4H

<400> 63

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 64

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of G4H

<400> 64

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 65

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of G4H

<400> 65

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 66

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of G4H

<400> 66

Arg Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 67

<211

> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of G4H

<400> 67

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 68

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of G4H

<400> 68

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Tyr Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 69

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of G4H

<400> 69

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Tyr Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 70

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of G4H

<400> 70

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat cgctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tacttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 71

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of G4H

<400> 71

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 72

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of G4H

<400> 72

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 73

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of G4H

<400> 73

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Arg Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

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

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Tyr Phe
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 74

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of G4H

<400> 74

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat cgctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tacttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 75

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of G4H

<400> 75

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 76

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of G4H

<400> 76

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 77

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of G4H

<400> 77

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Arg Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

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

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Tyr Phe
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 78
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL of G4H
<400> 78
gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60
tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat cgctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tacttcgctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420
cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 79

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of G4H

<400> 79

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Tyr Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 80

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of G4H

<400> 80

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat cgctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agggaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tacttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 81

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of A2J

<400> 81

Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 82

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of A2J

<400> 82

Ala Thr Asp Met Arg Pro Ser

1 5

<210> 83

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of A2J

<400> 83

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 84

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of A2J

<400> 84

Val Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 85

<211

> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of A2J

<400> 85

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Lys

<210> 86

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of A2J

<400> 86

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Trp Ala Tyr

1 5 10

<210> 87

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of A2J

<400> 87

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

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Lys Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 88

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of A2J

<400> 88

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 89

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of A2J

<400> 89

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Ala Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 90

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of A2J

<400> 90

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 91

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of A2J

<400> 91

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

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Lys Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 92

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of A2J

<400> 92

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 93

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> unknown organism

<400> 93

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

Leu Ile Gly Ala Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 94

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of A2J

<400> 94

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 95

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of A2J

<400> 95

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

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Lys Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Ala
180 185 190
Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 96
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL of A2J
<400> 96

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 97

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of A2J

<400> 97

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

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Lys Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu

145 150 155 160
Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Ala
180 185 190
Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 98
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL-P of A2J
<400> 98

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60
tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180
tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacttatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 99

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of E1L

<400> 99

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 100

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of E1L

<400> 100

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 101

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of E1L

<400> 101

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 102

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of E1L

<400> 102

Lys Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 103

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of E1L

<400> 103

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Ser

<210> 104

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of E1L

<400> 104

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Tyr Ala Tyr

1 5 10

<210> 105

<211> 125

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of E1L

<400> 105

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Ser Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Tyr

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 106

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of E1L

<400> 106

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa atcgaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacacatcc tactacgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 107

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of E1L

<400> 107

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

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

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 108
<211> 327
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VL of E1L
<400> 108

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300
ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 109
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-P of E1L
<400> 109

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

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

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Tyr
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 110
<211> 375
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-P of E1L
<400> 110

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60
tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa atcgaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacacatcc tactacgctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctca 375

<210> 111
<211> 109
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of E1L

<400> 111

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 112

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of E1L

<400> 112

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 113

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of E1L

<400> 113

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Ser Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Tyr
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190

Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 114

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of E1L

<400> 114

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa atcgaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacacatcc tactacgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 115

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of E1L

<400> 115

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Ser Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Tyr

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 116

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of E1L

<400> 116

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa atcgaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacacatcc tactacgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 117

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of E2M

<400> 117

Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 118

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of E2M

<400> 118

Ala Thr Asp Met Arg Pro Ser

1 5

<210> 119

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of E2M

<400> 119

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 120

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of E2M

<400> 120

Gly Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 121

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of E2M

<400> 121

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Glu

<210> 122

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of E2M

<400> 122

His Arg Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Phe Ala Tyr

1 5 10

<210> 123

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of E2M

<400> 123

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Glu Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Arg Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 124

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of E2M

<400> 124

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat ggctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

cataggaact tcggtaatag ctacttatcc tggttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 125

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of E2M

<400> 125

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Ala Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 126

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of E2M

<400> 126

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 127

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of E2M

<400> 127

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Gly Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Glu Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Arg Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Phe
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 128

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of E2M

<400> 128

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat ggctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

cataggaact tcggtaatag ctacttatcc tggttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 129

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of E2M

<400> 129

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Ala Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 130

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of E2M

<400> 130

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 131

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of E2M

<400> 131

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Glu Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Arg Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

165 170 175

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

180 185 190

Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 132

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of E2M

<400> 132

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat ggctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

cataggaact tcggtaatag ctacttatcc tggttcgctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 133

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of E2M

<400> 133

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Gly Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Glu Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Arg Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Phe
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Arg Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Ala
180 185 190

Thr Asp Met Arg Pro Ser Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 134
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL-P of E2M
<400> 134
gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat ggctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180
tattatgccg attcagtgaa agagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
cataggaact tcggtaatag ctacttatcc tggttcgctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420
gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtcgct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgccactg acatgaggcc ctctggtact 600
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660
cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720
ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747
<210> 135
<211> 14
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CDR-L1 of F70

<400> 135

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 136

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of F70

<400> 136

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 137

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of F70

<400> 137

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 138

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of F70

<400> 138

Val Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 139

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of F70

<400> 139

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
1 5 10 15
Val Lys Lys

<210> 140
<211> 14
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CDR-H3 of F70
<400> 140
His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Trp Trp Ala Tyr
1 5 10

<210> 141
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH of F70
<400> 141
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr
20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60
Ser Val Lys Lys Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Trp Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 142

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of F70

<400> 142

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 143

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of F70

<400> 143

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 144
<211> 327
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VL of F70
<400> 144

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300
ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 145
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-P of F70
<400> 145

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

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

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Trp Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 146
<211> 375
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-P of F70
<400> 146

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60
tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctca 375

<210> 147
<211> 109
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VL-P of F70
<400> 147

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30
Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45
Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95
Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 148
<211> 327
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VL-P of F70
<400> 148
gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 120
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240
cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300
ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327
<210> 149
<211> 249
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL of F70
<400> 149
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr

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

Ser Val Lys Lys Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Trp Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu

145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 150
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL of F70
<400> 150
gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180
tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420
cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660
cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720
ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 151
<211> 249
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL-P of F70
<400> 151

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr
20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Lys Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Trp Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 152

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of F70

<400> 152

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat gtgtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aaagaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 153

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of F12Q

<400> 153

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 154

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of F12Q

<400> 154

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 155

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of F12Q

<400> 155

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 156

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of F12Q

<400>

156

Ser Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 157

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of F12Q

<400> 157

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 158

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of F12Q

<400> 158

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr

1 5 10

<210> 159

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of F12Q

<400> 159

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 160

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of F12Q

<400> 160

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat agctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aggcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacgtttcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 161

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of F12Q

<400> 161

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly

20 25 30

Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

35 40 45

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

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 162

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of F12Q

<400> 162

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 163

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of F12Q

<400> 163

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 164

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of F12Q

<400> 164

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat agctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aggcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacgtttcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 165

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of F12Q

<400> 165

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 166

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of F12Q

<400> 166

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 167

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of F12Q

<400> 167

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

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

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
165 170 175

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190

Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 168

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of F12Q

<400> 168

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat agctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aggcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacgtttcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 169

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of F12Q

<400> 169

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 170
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of F12Q

<400> 170

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat agctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aggcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacgtttcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 171

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L1 of I2C

<400> 171

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn

1 5 10

<210> 172

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L2 of I2C

<400> 172

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

1 5

<210> 173

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-L3 of I2C

<400> 173

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

1 5

<210> 174

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H1 of I2C

<400> 174

Lys Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 175

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H2 of I2C

<400> 175

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Asp

<210> 176

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR-H3 of I2C

<400> 176

His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

1 5 10

<210> 177

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of I2C

<400> 177

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 178

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH of I2C

<400> 178

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 179

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of I2C

<400> 179

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 180

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL of I2C

<400> 180

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 181

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of I2C

<400> 181

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 182

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-P of I2C

<400> 182

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctca 375

<210> 183

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of I2C

<400> 183

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
20 25 30

Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 184

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VL-P of I2C

<400> 184

gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 60

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 120

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 180

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 240

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 300

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 327

<210> 185

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of I2C

<400> 185

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245

<210> 186

<211> 747

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL of I2C

<400> 186

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 187

<211> 249

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> VH-VL-P of I2C

<400> 187

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
165 170 175

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190

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

195 200 205

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245

<210> 188
<211> 747
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> VH-VL-P of I2C
<400> 188

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120
ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180
tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240
gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300
catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360
gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420
gagctcgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 540
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660
cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720
ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 747

<210> 189
<211> 500
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-G4 VH-VL x H2C VH-VL
<400> 189

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 190

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL x H2C VH-VL

<400> 190

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgata tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 191

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL x F12Q VH-VL

<400> 191

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

20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser

145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 192

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL x F12Q VH-VL

<400> 192

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgata tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatagctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaaggcagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacgtt 1080

tcctggtggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 193

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F6A VH-VL-P

<400> 193

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240
Lys Val Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser

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

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 194

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F6A VH-VL-P

<400> 194

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgata tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 195

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F6A VH-VL-P

<400> 195

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ile Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335
Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
340 345 350
Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Phe Phe Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495

Leu Thr Val Leu
500

<210> 196
<211> 1500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F6A VH-VL-P
<400> 196
caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatatctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaaagcagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacgta 1080

tccttcttcg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 197

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x H2C VH-VL-P

<400> 197

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125
Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr
225 230 235 240
Lys Val Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Leu

245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 198

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x H2C VH-VL-P

<400> 198

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 199

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x H1E VH-VL-P

<400> 199

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Glu Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Phe Trp Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 200

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x H1E VH-VL-P

<400> 200

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggagc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aattcgtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagggagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctaccta 1080

tccttctggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 201

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x G4H VH-VL-P

<400> 201

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Arg Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 202

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x G4H VH-VL-P

<400> 202

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatcgctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagggagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctactta 1080

tcctacttcg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 203

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x A2J VH-VL-P

<400> 203

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Ala Thr Asp Met Arg Pro

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 204

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x A2J VH-VL-P

<400> 204

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatgtctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaaaagagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctactta 1080

tcctggtggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtc gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtgcca ctgacatgag gccctctggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 205

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x E1L VH-VL-P

<400> 205

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

```
            20                  25                  30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
            100                 105                 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
        115                 120                 125
Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
    130                 135                 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145                 150                 155                 160
Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
                165                 170                 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
            180                 185                 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
        195                 200                 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
    210                 215                 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr
225                 230                 235                 240

Lys Val Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Leu
                245                 250                 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
            260                 265                 270
```

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Ser Arg
305 310 315 320
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335
Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
340 345 350
Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Tyr Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495

Leu Thr Val Leu
500

<210> 206

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x E1L VH-VL-P

<400> 206

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaatcgagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacaca 1080

tcctactacg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 207

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x E2M VH-VL-P

<400> 207

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

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

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Gly Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Arg Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Ala Thr Asp Met Arg Pro

435 440 445

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

450 455 460

Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495
Leu Thr Val Leu
500

<210> 208

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x E2M VH-VL-P

<400> 208

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300
gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420
gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480
gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540
cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600
agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660
gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720
aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840
aatggctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900
cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagagagg 960
ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020
actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatagga acttcggtaa tagctactta 1080
tcctggttcg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtc gctcctcgac tggggctgtt 1260
acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320
ataggtgcca ctgacatgag gccctctggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380
ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440
tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 209
<211> 500
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F70 VH-VL-P
<400> 209

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

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

65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala

130 135 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Val Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 210

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F70 VH-VL-P

<400> 210

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatgtgtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaaaagagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctggtggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 211

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F12Q VH-VL

<400> 211

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

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

145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr

210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr
225 230 235 240
Lys Val Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300
Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg
305 310 315 320
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335
Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His

340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 212

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x F12Q VH-VL

<400> 212

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatagctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaaggcagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacgtt 1080

tcctggtggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 213

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x I2C VH-VL

<400> 213

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

355 360 365

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

420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495
Leu Thr Val Leu
500

<210> 214

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G4 VH-VL-P x I2C VH-VL

<400> 214

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 215

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D2 VH-VL x H2C VH-VL

<400> 215

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 Gly Tyr
20 25 30

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Ser Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205

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

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

Lys Val Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445

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

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

Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495

Leu Thr Val Leu
500

<210> 216

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D2 VH-VL x H2C VH-VL

<400> 216

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tgcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaagctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg actagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcaacctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgata tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 217

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D2 VH-VL x F12Q VH-VL

<400> 217

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 Gly Tyr

20 25 30

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 218

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D2 VH-VL x F12Q VH-VL

<400> 218

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tgcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaagctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg actagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcaacctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgata tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatagctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaaggcagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacgtt 1080

tcctggtggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 219

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D2 VH-VL x I2C VH-VL

<400> 219

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 Gly Tyr

20 25 30

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 220

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D2 VH-VL x I2C VH-VL

<400> 220

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tgcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaagctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg actagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcaacctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgata tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 221

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D2 VH-VL-P x H2C VH-VL-P

<400> 221

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 Gly Tyr

20 25 30

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Ser Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
305 310 315 320
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335
Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His

340 345 350
Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser

405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430
Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr

465 470 475 480
Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495
Leu Thr Val Leu
500

<210> 222
<211> 1500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-D2 VH-VL-P x H2C VH-VL-P
<400> 222

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata caccttcacc ggctactata tgcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaagctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg actagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcaacctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gctccaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 223

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F9 VH-VL x H2C VH-VL

<400> 223

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

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

            100                 105                 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
        115                 120                 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
    130                 135                 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145                 150                 155                 160
Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln

                165                 170                 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
            180                 185                 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
        195                 200                 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
    210                 215                 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Val Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225                 230                 235                 240
Lys Val Asp Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
```

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 224

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F9 VH-VL x H2C VH-VL

<400> 224

caggtgcagc tgcaagagtc tggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcgttg tctctggtgg ctccatcagc agtagtaact ggtggagctg ggtccgccag 120

cccccaggga agggactgga gtggcttggg actatctatt ataatgggaa tacctactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatc tccgtagaca cgtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaggctga gctctgtgac cgccgcagac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgata tcgtgatgac acagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gtcttatcca gctccaacaa taagaactac ttaaattggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagt tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gcagcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtgttccat tcactttcgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaaggagg tggtggctcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggctact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 225

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F9 VH-VL-P x H2C VH-VL-P

<400> 225

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu
1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Val Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser
20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Leu Gly Thr Ile Tyr Tyr Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser
65 70 75 80

Leu Arg Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Val Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr
225 230 235 240

Lys Val Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Leu
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
305 310 315 320
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335
Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
340 345 350
Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 226

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F9 VH-VL-P x H2C VH-VL-P

<400> 226

gaggtgcagc tgcaagagtc tggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcgttg tctctggtgg ctccatcagc agtagtaact ggtggagctg ggtccgccag 120

cccccaggga agggactgga gtggcttggg actatctatt ataatgggaa tacctactac 180

aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatc tccgtagaca cgtccaagaa ccagttctcc 240

ctgaggctga gctctgtgac cgccgcagac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac acagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gtcttatcca gctccaacaa taagaactac ttaaattggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagt tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gcagcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtgttccat tcactttcgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 227

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F9 VH-VL-P x G4H VH-VL-P

<400> 227

Glu Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Val Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser

20 25 30

Asn Trp Trp Ser Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Leu Gly Thr Ile Tyr Tyr Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser

65 70 75 80

Leu Arg Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Val Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Arg Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Leu Ser Tyr Phe Ala Tyr Trp Gly Gln

355 360 365

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

370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430
Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala

435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495
Leu Thr Val Leu
500

<210> 228

<211> 1500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-F9 VH-VL-P x G4H VH-VL-P
<400> 228

gaggtgcagc tgcaagagtc tggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcgttg tctctggtgg ctccatcagc agtagtaact ggtggagctg ggtccgccag 120
cccccaggga agggactgga gtggcttggg actatctatt ataatgggaa tacctactac 180
aacccgtccc tcaagagtcg agtcaccatc tccgtagaca cgtccaagaa ccagttctcc 240
ctgaggctga gctctgtgac cgccgcagac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300
gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgagc tcgtgatgac acagtctcca 420
gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480
gtcttatcca gctccaacaa taagaactac ttaaattggt accagcagaa accaggacag 540
cctcctaagt tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gcagcctgca ggctgaagat 660

gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtgttccat tcactttcgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctgctcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aatcgctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagggagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctactta 1080

tcctacttcg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctgagctcg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 229

<211> 267

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 1-27 CD3 epsilon-Fc

<400> 229

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr Ser Gly Glu Pro Lys

20 25 30

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu

35 40 45

Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

50 55 60

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

65 70 75 80

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
85 90 95
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
100 105 110
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
115 120 125
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

130 135 140
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
145 150 155 160
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln
165 170 175
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
180 185 190
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

195 200 205
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
210 215 220
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
225 230 235 240
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
245 250 255
Leu Ser Pro Gly Lys His His His His His His
260 265

<210> 230
<211> 858
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> 1-27 CD3 epsilon-Fc
<400> 230
atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccaa 60
gatggtaatg aagaaatggg tggtattaca cagacaccat ataaagtctc catctctgga 120

accacagtaa tattgacatc cggagagccc aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca 180

ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc 240

aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc 300

cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc 360

aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc 420

gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc 480

ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag 540

gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc 600

ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg 660

gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg ctggactccg acggctcctt cttcctctat 720

agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg 780

atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg cagaagagcc tctccctgtc cccgggtaaa 840

catcatcacc atcatcat 858

<210> 231

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 231

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys
1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr Asp Tyr Lys Asp Asp
20 25 30

Asp Asp Lys Thr Ala Ser Phe Ala Ala Ala Gln Lys Glu Cys Val Cys
35 40 45

Glu Asn Tyr Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Leu Asn Asp Asn Gly Gln
50 55 60

Cys Gln Cys Thr Ser Ile Gly Ala Gln Asn Thr Val Leu Cys Ser Lys
65 70 75 80

Leu Ala Ala Lys Cys Leu Val Met Lys Ala Glu Met Asn Gly Ser Lys
85 90 95

Leu Gly Arg Arg Ala Lys Pro Glu Gly Ala Leu Gln Asn Asn Asp Gly
100 105 110
Leu Tyr Asp Pro Asp Cys Asp Glu Ser Gly Leu Phe Lys Ala Lys Gln
115 120 125
Cys Asn Gly Thr Ser Thr Cys Trp Cys Val Asn Thr Ala Gly Val Arg
130 135 140
Arg Thr Asp Lys Asp Thr Glu Ile Thr Cys Ser Glu Arg Val Arg Thr
145 150 155 160

Tyr Trp Ile Ile Ile Glu Leu Lys His Lys Ala Arg Glu Lys Pro Tyr
165 170 175
Asp Val Gln Ser Leu Arg Thr Ala Leu Glu Glu Ala Ile Lys Thr Arg
180 185 190
Tyr Gln Leu Asp Pro Lys Phe Ile Thr Asn Ile Leu Tyr Glu Asp Asn
195 200 205
Val Ile Thr Ile Asp Leu Val Gln Asn Ser Ser Gln Lys Thr Gln Asn
210 215 220

Asp Val Asp Ile Ala Asp Val Ala Tyr Tyr Phe Glu Lys Asp Val Lys
225 230 235 240
Gly Glu Ser Leu Phe His Ser Lys Lys Met Asp Leu Arg Val Asn Gly
245 250 255
Glu Gln Leu Asp Leu Asp Pro Gly Gln Thr Leu Ile Tyr Tyr Val Asp
260 265 270
Glu Lys Ala Pro Glu Phe Ser Met Gln Gly Leu Lys Ala Gly Val Ile
275 280 285

Ala Val Ile Val Val Val Val Ile Ala Ile Val Ala Gly Ile Val Val
290 295 300
Leu Val Ile Ser Arg Lys Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu
305 310 315 320
Ile Lys Glu Met Gly Glu Met His Arg Glu Leu Asn Ala
325 330

<210> 232

<211> 1056

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> human 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 232

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccaa 60

gatggtaatg aagaaatggg tggtattaca cagacaccat ataaagtctc catctctgga 120

accacagtaa tattgacaga ttacaaggac gacgatgaca agactgcgag ttttgccgca 180

gctcagaaag aatgtgtctg tgaaaactac aagctggccg taaactgctt tttgaatgac 240

aatggtcaat gccagtgtac ttcgattggt gcacaaaata ctgtcctttg ctcaaagctg 300

gctgccaaat gtttggtgat gaaggcagaa atgaacggct caaaacttgg gagaagagcg 360

aaacctgaag gggctctcca gaacaatgat ggcctttacg atcctgactg cgatgagagc 420

gggctcttta aggccaagca gtgcaacggc acctccacgt gctggtgtgt gaacactgct 480

ggggtcagaa gaactgacaa ggacactgaa ataacctgct ctgagcgagt gagaacctac 540

tggatcatca ttgaattaaa acacaaagca agagaaaaac cttatgatgt tcaaagtttg 600

cggactgcac ttgaggaggc gatcaaaacg cgttatcaac tggatccaaa atttatcaca 660

aatattttgt atgaggataa tgttatcact attgatctgg ttcaaaattc ttctcagaaa 720

actcagaatg atgtggacat agctgatgtg gcttattatt ttgaaaaaga tgttaaaggt 780

gaatccttgt ttcattctaa gaaaatggac ctgagagtaa atggggaaca actggatctg 840

gatcctggtc aaactttaat ttattatgtc gatgaaaaag cacctgaatt ctcaatgcag 900

ggtctaaaag ctggtgttat tgctgttatt gtggttgtgg tgatagcaat tgttgctgga 960

attgttgtgc tggttatttc cagaaagaag agaatggcaa agtatgagaa ggctgagata 1020

aaggagatgg gtgagatgca tagggaactc aatgca 1056

<210> 233

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> marmoset 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 233

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr Asp Tyr Lys Asp Asp

```
            20                  25                  30
Asp Asp Lys Thr Ala Ser Phe Ala Ala Ala Gln Lys Glu Cys Val Cys
        35                  40                  45
Glu Asn Tyr Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Leu Asn Asp Asn Gly Gln
    50                  55                  60
Cys Gln Cys Thr Ser Ile Gly Ala Gln Asn Thr Val Leu Cys Ser Lys
65                  70                  75                  80
Leu Ala Ala Lys Cys Leu Val Met Lys Ala Glu Met Asn Gly Ser Lys

                85                  90                  95
Leu Gly Arg Arg Ala Lys Pro Glu Gly Ala Leu Gln Asn Asn Asp Gly
            100                 105                 110
Leu Tyr Asp Pro Asp Cys Asp Glu Ser Gly Leu Phe Lys Ala Lys Gln
        115                 120                 125
Cys Asn Gly Thr Ser Thr Cys Trp Cys Val Asn Thr Ala Gly Val Arg
    130                 135                 140
Arg Thr Asp Lys Asp Thr Glu Ile Thr Cys Ser Glu Arg Val Arg Thr

145                 150                 155                 160
Tyr Trp Ile Ile Ile Glu Leu Lys His Lys Ala Arg Glu Lys Pro Tyr
                165                 170                 175
Asp Val Gln Ser Leu Arg Thr Ala Leu Glu Glu Ala Ile Lys Thr Arg
            180                 185                 190
Tyr Gln Leu Asp Pro Lys Phe Ile Thr Asn Ile Leu Tyr Glu Asp Asn
        195                 200                 205
Val Ile Thr Ile Asp Leu Val Gln Asn Ser Ser Gln Lys Thr Gln Asn

    210                 215                 220
Asp Val Asp Ile Ala Asp Val Ala Tyr Tyr Phe Glu Lys Asp Val Lys
225                 230                 235                 240
Gly Glu Ser Leu Phe His Ser Lys Lys Met Asp Leu Arg Val Asn Gly
                245                 250                 255
Glu Gln Leu Asp Leu Asp Pro Gly Gln Thr Leu Ile Tyr Tyr Val Asp
            260                 265                 270
```

Glu Lys Ala Pro Glu Phe Ser Met Gln Gly Leu Lys Ala Gly Val Ile

275 280 285

Ala Val Ile Val Val Val Val Ile Ala Ile Val Ala Gly Ile Val Val

290 295 300

Leu Val Ile Ser Arg Lys Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu

305 310 315 320

Ile Lys Glu Met Gly Glu Met His Arg Glu Leu Asn Ala

325 330

<210> 234

<211> 1056

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220

><223> marmoset 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 234

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccag 60

gacggtaatg aagaaatggg tgatactaca cagaacccat ataaagtttc catctcagga 120

accacagtaa cactgacaga ttacaaggac gacgatgaca agactgcgag ttttgccgca 180

gctcagaaag aatgtgtctg tgaaaactac aagctggccg taaactgctt tttgaatgac 240

aatggtcaat gccagtgtac ttcgattggt gcacaaaata ctgtcctttg ctcaaagctg 300

gctgccaaat gtttggtgat gaaggcagaa atgaacggct caaaacttgg gagaagagcg 360

aaacctgaag gggctctcca gaacaatgat ggcctttacg atcctgactg cgatgagagc 420

gggctcttta aggccaagca gtgcaacggc acctccacgt gctggtgtgt gaacactgct 480

ggggtcagaa gaactgacaa ggacactgaa ataacctgct ctgagcgagt gagaacctac 540

tggatcatca ttgaattaaa acacaaagca agagaaaaac cttatgatgt tcaaagtttg 600

cggactgcac ttgaggaggc gatcaaaacg cgttatcaac tggatccaaa atttatcaca 660

aatattttgt atgaggataa tgttatcact attgatctgg ttcaaaattc ttctcagaaa 720

actcagaatg atgtggacat agctgatgtg gcttattatt ttgaaaaaga tgttaaaggt 780

gaatccttgt ttcattctaa gaaaatggac ctgagagtaa atggggaaca actggatctg 840

gatcctggtc aaactttaat ttattatgtc gatgaaaaag cacctgaatt ctcaatgcag 900

ggtctaaaag ctggtgttat tgctgttatt gtggttgtgg tgatagcaat tgttgctgga 960

attgttgtgc tggttatttc cagaaagaag agaatggcaa agtatgagaa ggctgagata 1020

aaggagatgg gtgagatgca tagggaactc aatgca 1056

<210> 235

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> tamarin 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 235

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys
1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr Asp Tyr Lys Asp Asp
20 25 30

Asp Asp Lys Thr Ala Ser Phe Ala Ala Ala Gln Lys Glu Cys Val Cys
35 40 45

Glu Asn Tyr Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Leu Asn Asp Asn Gly Gln
50 55 60

Cys Gln Cys Thr Ser Ile Gly Ala Gln Asn Thr Val Leu Cys Ser Lys
65 70 75 80

Leu Ala Ala Lys Cys Leu Val Met Lys Ala Glu Met Asn Gly Ser Lys
85 90 95

Leu Gly Arg Arg Ala Lys Pro Glu Gly Ala Leu Gln Asn Asn Asp Gly
100 105 110

Leu Tyr Asp Pro Asp Cys Asp Glu Ser Gly Leu Phe Lys Ala Lys Gln
115 120 125

Cys Asn Gly Thr Ser Thr Cys Trp Cys Val Asn Thr Ala Gly Val Arg
130 135 140

Arg Thr Asp Lys Asp Thr Glu Ile Thr Cys Ser Glu Arg Val Arg Thr
145 150 155 160

Tyr Trp Ile Ile Ile Glu Leu Lys His Lys Ala Arg Glu Lys Pro Tyr
165 170 175

Asp Val Gln Ser Leu Arg Thr Ala Leu Glu Glu Ala Ile Lys Thr Arg
180 185 190

Tyr Gln Leu Asp Pro Lys Phe Ile Thr Asn Ile Leu Tyr Glu Asp Asn

195 200 205

Val Ile Thr Ile Asp Leu Val Gln Asn Ser Ser Gln Lys Thr Gln Asn
210 215 220
Asp Val Asp Ile Ala Asp Val Ala Tyr Tyr Phe Glu Lys Asp Val Lys
225 230 235 240
Gly Glu Ser Leu Phe His Ser Lys Lys Met Asp Leu Arg Val Asn Gly
245 250 255
Glu Gln Leu Asp Leu Asp Pro Gly Gln Thr Leu Ile Tyr Tyr Val Asp
260 265 270

Glu Lys Ala Pro Glu Phe Ser Met Gln Gly Leu Lys Ala Gly Val Ile
275 280 285
Ala Val Ile Val Val Val Val Ile Ala Ile Val Ala Gly Ile Val Val
290 295 300
Leu Val Ile Ser Arg Lys Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu
305 310 315 320
Ile Lys Glu Met Gly Glu Met His Arg Glu Leu Asn Ala
325 330

<210> 236

<211> 1056
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> tamarin 1-27 CD3 epsilon-EpCAM
<400> 236

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccag 60
gacggtaatg aagaaatggg tgatactaca cagaacccat ataaagtttc catctcagga 120
accacagtaa cactgacaga ttacaaggac gacgatgaca agactgcgag ttttgccgca 180
gctcagaaag aatgtgtctg tgaaaactac aagctggccg taaactgctt tttgaatgac 240
aatggtcaat gccagtgtac ttcgattggt gcacaaaata ctgtcctttg ctcaaagctg 300
gctgccaaat gtttggtgat gaaggcagaa atgaacggct caaaacttgg gagaagagcg 360

aaacctgaag gggctctcca gaacaatgat ggcctttacg atcctgactg cgatgagagc 420
gggctcttta aggccaagca gtgcaacggc acctccacgt gctggtgtgt gaacactgct 480

ggggtcagaa gaactgacaa ggacactgaa ataacctgct ctgagcgagt gagaacctac 540

tggatcatca ttgaattaaa acacaaagca agagaaaaac cttatgatgt tcaaagtttg 600

cggactgcac ttgaggaggc gatcaaaacg cgttatcaac tggatccaaa atttatcaca 660

aatattttgt atgaggataa tgttatcact attgatctgg ttcaaaattc ttctcagaaa 720

actcagaatg atgtggacat agctgatgtg gcttattatt ttgaaaaaga tgttaaaggt 780

gaatccttgt ttcattctaa gaaaatggac ctgagagtaa atggggaaca actggatctg 840

gatcctggtc aaactttaat ttattatgtc gatgaaaaag cacctgaatt ctcaatgcag 900

ggtctaaaag ctggtgttat tgctgttatt gtggttgtgg tgatagcaat tgttgctgga 960

attgttgtgc tggttatttc cagaaagaag agaatggcaa agtatgagaa ggctgagata 1020

aaggagatgg gtgagatgca tagggaactc aatgca 1056

<210> 237

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> squirrel monkey 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 237

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Ile Gly Asp Thr Thr Gln Asn Pro Tyr Lys

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Thr Leu Thr Asp Tyr Lys Asp Asp

20 25 30

Asp Asp Lys Thr Ala Ser Phe Ala Ala Ala Gln Lys Glu Cys Val Cys

35 40 45

Glu Asn Tyr Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Leu Asn Asp Asn Gly Gln

50 55 60

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

65 70 75 80

Leu Ala Ala Lys Cys Leu Val Met Lys Ala Glu Met Asn Gly Ser Lys

85 90 95

Leu Gly Arg Arg Ala Lys Pro Glu Gly Ala Leu Gln Asn Asn Asp Gly

100 105 110

Leu Tyr Asp Pro Asp Cys Asp Glu Ser Gly Leu Phe Lys Ala Lys Gln

115 120 125

Cys Asn Gly Thr Ser Thr Cys Trp Cys Val Asn Thr Ala Gly Val Arg

130 135 140

Arg Thr Asp Lys Asp Thr Glu Ile Thr Cys Ser Glu Arg Val Arg Thr
145 150 155 160
Tyr Trp Ile Ile Ile Glu Leu Lys His Lys Ala Arg Glu Lys Pro Tyr
165 170 175
Asp Val Gln Ser Leu Arg Thr Ala Leu Glu Glu Ala Ile Lys Thr Arg
180 185 190
Tyr Gln Leu Asp Pro Lys Phe Ile Thr Asn Ile Leu Tyr Glu Asp Asn

195 200 205

Val Ile Thr Ile Asp Leu Val Gln Asn Ser Ser Gln Lys Thr Gln Asn
210 215 220
Asp Val Asp Ile Ala Asp Val Ala Tyr Tyr Phe Glu Lys Asp Val Lys
225 230 235 240
Gly Glu Ser Leu Phe His Ser Lys Lys Met Asp Leu Arg Val Asn Gly
245 250 255
Glu Gln Leu Asp Leu Asp Pro Gly Gln Thr Leu Ile Tyr Tyr Val Asp

260 265 270

Glu Lys Ala Pro Glu Phe Ser Met Gln Gly Leu Lys Ala Gly Val Ile
275 280 285
Ala Val Ile Val Val Val Val Ile Ala Ile Val Ala Gly Ile Val Val
290 295 300
Leu Val Ile Ser Arg Lys Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu
305 310 315 320
Ile Lys Glu Met Gly Glu Met His Arg Glu Leu Asn Ala

325 330

<210> 238

<211> 1056

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> squirrel monkey 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 238

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccag 60

gacggtaatg aagagattgg tgatactacc cagaacccat ataaagtttc catctcagga 120

accacagtaa cactgacaga ttacaaggac gacgatgaca agactgcgag ttttgccgca 180

gctcagaaag aatgtgtctg tgaaaactac aagctggccg taaactgctt tttgaatgac 240

aatggtcaat gccagtgtac ttcgattggt gcacaaaata ctgtcctttg ctcaaagctg 300

gctgccaaat gtttggtgat gaaggcagaa atgaacggct caaaacttgg gagaagagcg 360

aaacctgaag gggctctcca gaacaatgat ggcctttacg atcctgactg cgatgagagc 420

gggctcttta aggccaagca gtgcaacggc acctccacgt gctggtgtgt gaacactgct 480

ggggtcagaa gaactgacaa ggacactgaa ataacctgct ctgagcgagt gagaacctac 540

tggatcatca ttgaattaaa acacaaagca agagaaaaac cttatgatgt tcaaagtttg 600

cggactgcac ttgaggaggc gatcaaaacg cgttatcaac tggatccaaa atttatcaca 660

aatattttgt atgaggataa tgttatcact attgatctgg ttcaaaattc ttctcagaaa 720

actcagaatg atgtggacat agctgatgtg gcttattatt ttgaaaaaga tgttaaaggt 780

gaatccttgt ttcattctaa gaaaatggac ctgagagtaa atggggaaca actggatctg 840

gatcctggtc aaactttaat ttattatgtc gatgaaaaag cacctgaatt ctcaatgcag 900

ggtctaaaag ctggtgttat tgctgttatt gtggttgtgg tgatagcaat tgttgctgga 960

attgttgtgc tggttatttc cagaaagaag agaatggcaa agtatgagaa ggctgagata 1020

aaggagatgg gtgagatgca tagggaactc aatgca 1056

<210> 239

<211> 333

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> swine 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 239

Gln Glu Asp Ile Glu Arg Pro Asp Glu Asp Thr Gln Lys Thr Phe Lys
1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Asp Lys Val Glu Leu Thr Asp Tyr Lys Asp Asp
20 25 30

Asp Asp Lys Thr Ala Ser Phe Ala Ala Ala Gln Lys Glu Cys Val Cys
35 40 45

Glu Asn Tyr Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Leu Asn Asp Asn Gly Gln

50 55 60

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

65 70 75 80

Leu Ala Ala Lys Cys Leu Val Met Lys Ala Glu Met Asn Gly Ser Lys

85 90 95

Leu Gly Arg Arg Ala Lys Pro Glu Gly Ala Leu Gln Asn Asn Asp Gly

100 105 110

Leu Tyr Asp Pro Asp Cys Asp Glu Ser Gly Leu Phe Lys Ala Lys Gln

115 120 125

Cys Asn Gly Thr Ser Thr Cys Trp Cys Val Asn Thr Ala Gly Val Arg

130 135 140

Arg Thr Asp Lys Asp Thr Glu Ile Thr Cys Ser Glu Arg Val Arg Thr

145 150 155 160

Tyr Trp Ile Ile Ile Glu Leu Lys His Lys Ala Arg Glu Lys Pro Tyr

165 170 175

Asp Val Gln Ser Leu Arg Thr Ala Leu Glu Glu Ala Ile Lys Thr Arg

180 185 190

Tyr Gln Leu Asp Pro Lys Phe Ile Thr Asn Ile Leu Tyr Glu Asp Asn

195 200 205

Val Ile Thr Ile Asp Leu Val Gln Asn Ser Ser Gln Lys Thr Gln Asn

210 215 220

Asp Val Asp Ile Ala Asp Val Ala Tyr Tyr Phe Glu Lys Asp Val Lys

225 230 235 240

Gly Glu Ser Leu Phe His Ser Lys Lys Met Asp Leu Arg Val Asn Gly

245 250 255

Glu Gln Leu Asp Leu Asp Pro Gly Gln Thr Leu Ile Tyr Tyr Val Asp

260 265 270

Glu Lys Ala Pro Glu Phe Ser Met Gln Gly Leu Lys Ala Gly Val Ile

275 280 285

Ala Val Ile Val Val Val Val Ile Ala Ile Val Ala Gly Ile Val Val

290 295 300

Leu Val Ile Ser Arg Lys Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu

305 310 315 320

Ile Lys Glu Met Gly Glu Met His Arg Glu Leu Asn Ala

325 330

<210> 240

<211> 1056

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> swine 1-27 CD3 epsilon-EpCAM

<400> 240

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccaa 60

gaagacattg aaagaccaga tgaagataca cagaaaacat ttaaagtctc catctctgga 120

gacaaagtag agctgacaga ttacaaggac gacgatgaca agactgcgag ttttgccgca 180

gctcagaaag aatgtgtctg tgaaaactac aagctggccg taaactgctt tttgaatgac 240

aatggtcaat gccagtgtac ttcgattggt gcacaaaata ctgtcctttg ctcaaagctg 300

gctgccaaat gtttggtgat gaaggcagaa atgaacggct caaaacttgg gagaagagcg 360

aaacctgaag gggctctcca gaacaatgat ggcctttacg atcctgactg cgatgagagc 420

gggctcttta aggccaagca gtgcaacggc acctccacgt gctggtgtgt gaacactgct 480

ggggtcagaa gaactgacaa ggacactgaa ataacctgct ctgagcgagt gagaacctac 540

tggatcatca ttgaattaaa acacaaagca agagaaaaac cttatgatgt tcaaagtttg 600

cggactgcac ttgaggaggc gatcaaaacg cgttatcaac tggatccaaa atttatcaca 660

aatattttgt atgaggataa tgttatcact attgatctgg ttcaaaattc ttctcagaaa 720

actcagaatg atgtggacat agctgatgtg gcttattatt ttgaaaaaga tgttaaaggt 780

gaatccttgt ttcattctaa gaaaatggac ctgagagtaa atggggaaca actggatctg 840

gatcctggtc aaactttaat ttattatgtc gatgaaaaag cacctgaatt ctcaatgcag 900

ggtctaaaag ctggtgttat tgctgttatt gtggttgtgg tgatagcaat tgttgctgga 960

attgttgtgc tggttatttc cagaaagaag agaatggcaa agtatgagaa ggctgagata 1020

aaggagatgg gtgagatgca tagggaactc aatgca 1056

<210> 241

<211> 186

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 241

```
Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Lys
1               5                  10                  15
Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr Cys Pro Gln Tyr Pro
            20                  25                  30
Gly Ser Glu Ile Leu Trp Gln His Asn Asp Lys Asn Ile Gly Gly Asp
        35                  40                  45

Glu Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu Asp His Leu Ser Leu Lys
    50                  55                  60
Glu Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser Gly Tyr Tyr Val Cys Tyr Pro Arg
65                  70                  75                  80
Gly Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr Leu Tyr Leu Arg Ala Arg
                85                  90                  95
Val Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp Val Met Ser Val Ala Thr Ile
            100                 105                 110

Val Ile Val Asp Ile Cys Ile Thr Gly Gly Leu Leu Leu Leu Val Tyr
        115                 120                 125
Tyr Trp Ser Lys Asn Arg Lys Ala Lys Ala Lys Pro Val Thr Arg Gly
    130                 135                 140
Ala Gly Ala Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln Asn Lys Glu Arg Pro Pro
145                 150                 155                 160
Pro Val Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile Arg Lys Gly Gln Arg Asp
                165                 170                 175

Leu Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile
            180                 185
```

<210> 242

<211> 621

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 242

atgcagtcgg gcactcactg gagagttctg ggcctctgcc tcttatcagt tggcgtttgg 60

gggcaagatg gtaatgaaga aatgggtggt attacacaga caccatataa agtctccatc 120

tctggaacca cagtaatatt gacatgccct cagtatcctg gatctgaaat actatggcaa 180

cacaatgata aaaacatagg cggtgatgag gatgataaaa acataggcag tgatgaggat 240

cacctgtcac tgaaggaatt ttcagaattg gagcaaagtg gttattatgt ctgctacccc 300

agaggaagca aaccagaaga tgcgaacttt tatctctacc tgagggcacg cgtgtgtgag 360

aactgcatgg agatggatgt gatgtcggtg gccacaattg tcatagtgga catctgcatc 420

actgggggct tgctgctgct ggtttactac tggagcaaga atagaaaggc caaggccaag 480

cctgtgacac gaggagcggg tgctggcggc aggcaaaggg gacaaaacaa ggagaggcca 540

ccacctgttc ccaacccaga ctatgagccc atccggaaag gccagcggga cctgtattct 600

ggcctgaatc agagacgcat c 621

<210> 243

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 19 amino acid immunoglobulin leader peptide

<400> 243

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val His Ser

<210> 244

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 19 amino acid immunoglobulin leader peptide

<400> 244

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcc 57

<210> 245

<211> 324

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 245

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

Ser Ser Ser Val Thr Val Pro Ser Ser Thr Trp Pro Ser Glu Thr Val
65 70 75 80
Thr Cys Asn Val Ala His Pro Ala Ser Ser Thr Lys Val Asp Lys Lys
85 90 95
Ile Val Pro Arg Asp Cys Gly Cys Lys Pro Cys Ile Cys Thr Val Pro
100 105 110
Glu Val Ser Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Val Leu
115 120 125

Thr Ile Thr Leu Thr Pro Lys Val Thr Cys Val Val Val Asp Ile Ser
130 135 140
Lys Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Ser Trp Phe Val Asp Asp Val Glu
145 150 155 160
Val His Thr Ala Gln Thr Gln Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr
165 170 175
Phe Arg Ser Val Ser Glu Leu Pro Ile Met His Gln Asp Trp Leu Asn
180 185 190

Gly Lys Glu Phe Lys Cys Arg Val Asn Ser Ala Ala Phe Pro Ala Pro
195 200 205
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Arg Pro Lys Ala Pro Gln
210 215 220
Val Tyr Thr Ile Pro Pro Pro Lys Glu Gln Met Ala Lys Asp Lys Val
225 230 235 240

Ser Leu Thr Cys Met Ile Thr Asp Phe Phe Pro Glu Asp Ile Thr Val
245 250 255

Glu Trp Gln Trp Asn Gly Gln Pro Ala Glu Asn Tyr Lys Asn Thr Gln
260 265 270
Pro Ile Met Asp Thr Asp Gly Ser Tyr Phe Val Tyr Ser Lys Leu Asn
275 280 285
Val Gln Lys Ser Asn Trp Glu Ala Gly Asn Thr Phe Thr Cys Ser Val
290 295 300
Leu His Glu Gly Leu His Asn His His Thr Glu Lys Ser Leu Ser His
305 310 315 320

Ser Pro Gly Lys

<210> 246
<211> 972
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 246
gccaaaacga cacccccatc tgtctatcca ctggcccctg gatctgctgc ccaaactaac 60
tccatggtga ccctgggatg cctggtcaag ggctatttcc ctgagccagt gacagtgacc 120
tggaactctg gatccctgtc cagcggtgtg cacaccttcc cagctgtcct gcagtctgac 180
ctctacactc tgagcagctc agtgactgtc ccctccagca cctggcccag cgagaccgtc 240
acctgcaacg ttgcccaccc ggccagcagc accaaggtgg acaagaaaat tgtgcccagg 300
gattgtggtt gtaagccttg catatgtaca gtcccagaag tatcatctgt cttcatcttc 360

cccccaaagc ccaaggatgt gctcaccatt actctgactc ctaaggtcac gtgtgttgtg 420
gtagacatca gcaaggatga tcccgaggtc cagttcagct ggtttgtaga tgatgtggag 480
gtgcacacag ctcagacgca accccgggag gagcagttca acagcacttt ccgctcagtc 540
agtgaacttc ccatcatgca ccaggactgg ctcaatggca aggagttcaa atgcagggtc 600
aacagtgcag ctttccctgc ccccatcgag aaaaccatct ccaaaaccaa aggcagaccg 660
aaggctccac aggtgtacac cattccacct cccaaggagc agatggccaa ggataaagtc 720
agtctgacct gcatgataac agacttcttc cctgaagaca ttactgtgga gtggcagtgg 780

aatgggcagc cagcggagaa ctacaagaac actcagccca tcatggacac agatggctct 840

tacttcgtct acagcaagct caatgtgcag aagagcaact gggaggcagg aaatactttc 900

acctgctctg tgttacatga gggcctgcac aaccaccata ctgagaagag cctctcccac 960

tctcctggta aa 972

<210> 247

<211> 106

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 247

Gly Gln Pro Lys Ala Ala Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Ser

1 5 10 15

Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp

20 25 30

Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Val Ala Trp Lys Ala Asp Ser Ser Pro

35 40 45

Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Thr Thr Pro Ser Lys Gln Ser Asn Asn

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys

65 70 75 80

Ser His Lys Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val

85 90 95

Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser

100 105

<210> 248

<211> 318

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 248

ggtcagccca aggctgcccc ctcggtcact ctgttcccac cctcctctga ggagcttcaa 60

gccaacaagg ccacactggt gtgtctcata agtgacttct acccgggagc cgtgacagtg 120

gcctggaagg cagatagcag ccccgtcaag gcgggagtgg agaccaccac accctccaaa 180

caaagcaaca acaagtacgc ggccagcagc tacctgagcc tgacgcctga gcagtggaag 240

tcccacaaaa gctacagctg ccaggtcacg catgaaggga gcaccgtgga gaagacagtg 300

gcccctacag aatgttca 318

<210> 249

<211> 800

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 249

Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Ser Arg Thr Arg Ser Gly Ser Gln
1 5 10 15

Leu Asp Gly Gly Leu Val Leu Phe Ser His Arg Gly Thr Leu Asp Gly
20 25 30

Gly Phe Arg Phe Arg Leu Ser Asp Gly Glu His Thr Ser Pro Gly His
35 40 45

Phe Phe Arg Val Thr Ala Gln Lys Gln Val Leu Leu Ser Leu Lys Gly
50 55 60

Ser Gln Thr Leu Thr Val Cys Pro Gly Ser Val Gln Pro Leu Ser Ser
65 70 75 80

Gln Thr Leu Arg Ala Ser Ser Ser Ala Gly Thr Asp Pro Gln Leu Leu
85 90 95

Leu Tyr Arg Val Val Arg Gly Pro Gln Leu Gly Arg Leu Phe His Ala
100 105 110

Gln Gln Asp Ser Thr Gly Glu Ala Leu Val Asn Phe Thr Gln Ala Glu
115 120 125

Val Tyr Ala Gly Asn Ile Leu Tyr Glu His Glu Met Pro Pro Glu Pro
130 135 140

Phe Trp Glu Ala His Asp Thr Leu Glu Leu Gln Leu Ser Ser Pro Pro
145 150 155 160

Ala Arg Asp Val Ala Ala Thr Leu Ala Val Ala Val Ser Phe Glu Ala
165 170 175

Ala Cys Pro Gln Arg Pro Ser His Leu Trp Lys Asn Lys Gly Leu Trp
180 185 190

Val Pro Glu Gly Gln Arg Ala Arg Ile Thr Val Ala Ala Leu Asp Ala
195 200 205

Ser Asn Leu Leu Ala Ser Val Pro Ser Pro Gln Arg Ser Glu His Asp

210 215 220

Val Leu Phe Gln Val Thr Gln Phe Pro Ser Arg Gly Gln Leu Leu Val

225 230 235 240

Ser Glu Glu Pro Leu His Ala Gly Gln Pro His Phe Leu Gln Ser Gln

245 250 255

Leu Ala Ala Gly Gln Leu Val Tyr Ala His Gly Gly Gly Gly Thr Gln

260 265 270

Gln Asp Gly Phe His Phe Arg Ala His Leu Gln Gly Pro Ala Gly Ala

275 280 285

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

290 295 300

Asp Val Asn Glu Arg Pro Pro Gln Pro Gln Ala Ser Val Pro Leu Arg

305 310 315 320

Leu Thr Arg Gly Ser Arg Ala Pro Ile Ser Arg Ala Gln Leu Ser Val

325 330 335

Val Asp Pro Asp Ser Ala Pro Gly Glu Ile Glu Tyr Glu Val Gln Arg

340 345 350

Ala Pro His Asn Gly Phe Leu Ser Leu Val Gly Gly Gly Leu Gly Pro

355 360 365

Val Thr Arg Phe Thr Gln Ala Asp Val Asp Ser Gly Arg Leu Ala Phe

370 375 380

Val Ala Asn Gly Ser Ser Val Ala Gly Ile Phe Gln Leu Ser Met Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ala Ser Pro Pro Leu Pro Met Ser Leu Ala Val Asp Ile Leu

405 410 415

Pro Ser Ala Ile Glu Val Gln Leu Arg Ala Pro Leu Glu Val Pro Gln

420 425 430

Ala Leu Gly Arg Ser Ser Leu Ser Gln Gln Gln Leu Arg Val Val Ser

435 440 445

Asp Arg Glu Glu Pro Glu Ala Ala Tyr Arg Leu Ile Gln Gly Pro Gln

450 455 460

Tyr Gly His Leu Leu Val Gly Gly Arg Pro Thr Ser Ala Phe Ser Gln

465 470 475 480

Phe Gln Ile Asp Gln Gly Glu Val Val Phe Ala Phe Thr Asn Ser Ser

485 490 495

Ser Ser His Asp His Phe Arg Val Leu Ala Leu Ala Arg Gly Val Asn

500 505 510

Ala Ser Ala Val Val Asn Val Thr Val Arg Ala Leu Leu His Val Trp

515 520 525

Ala Gly Gly Pro Trp Pro Gln Gly Ala Thr Leu Arg Leu Asp Pro Thr

530 535 540

Val Leu Asp Ala Gly Glu Leu Ala Asn Arg Thr Asp Ser Val Pro Arg

545 550 555 560

Phe Arg Leu Leu Glu Gly Pro Arg His Gly Arg Val Val Arg Val Pro

565 570 575

Arg Ala Arg Thr Glu Pro Gly Gly Ser Gln Leu Val Glu Gln Phe Thr

580 585 590

Gln Gln Asp Leu Glu Asp Gly Arg Leu Gly Leu Glu Val Gly Arg Pro

595 600 605

Glu Gly Arg Ala Pro Gly Pro Ala Gly Asp Ser Leu Thr Leu Glu Leu

610 615 620

Trp Ala Gln Gly Val Pro Pro Ala Val Ala Ser Leu Asp Phe Ala Thr

625 630 635 640

Glu Pro Tyr Asn Ala Ala Arg Pro Tyr Ser Val Ala Leu Leu Ser Val

645 650 655

Pro Glu Ala Ala Arg Thr Glu Ala Gly Lys Pro Glu Ser Ser Thr Pro

660 665 670

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

675 680 685

Lys Gly Gly Phe Leu Ser Phe Leu Glu Ala Asn Met Phe Ser Val Ile

690 695 700

Ile Pro Met Cys Leu Val Leu Leu Leu Ala Leu Ile Leu Pro Leu
705 710 715 720
Leu Phe Tyr Leu Arg Lys Arg Asn Lys Thr Gly Lys His Asp Val Gln
725 730 735
Val Leu Thr Ala Lys Pro Arg Asn Gly Leu Ala Gly Asp Thr Glu Thr

740 745 750
Phe Arg Lys Val Glu Pro Gly Gln Ala Ile Pro Leu Thr Ala Val Pro
755 760 765
Gly Gln Gly Pro Pro Pro Gly Gly Gln Pro Asp Pro Glu Leu Leu Gln
770 775 780
Phe Cys Arg Thr Pro Asn Pro Ala Leu Lys Asn Gly Gln Tyr Trp Val
785 790 795 800

<210> 250

<211> 2457

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 250

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgac 60
tacaaagacg atgacgacaa gtcccgtacg agatctggat cccaattgga cggcgggctc 120
gtgctgttct cacacagagg aaccctggat ggaggcttcc gcttccgcct ctctgacggc 180
gagcacactt cccccggaca cttcttccga gtgacggccc agaagcaagt gctcctctcg 240
ctgaagggca gccagacact gactgtctgc ccagggtccg tccagccact cagcagtcag 300
accctcaggg ccagctccag cgcaggcact gacccccagc tcctgctcta ccgtgtggtg 360
cggggccccc agctaggccg gctgttccac gcccagcagg acagcacagg ggaggccctg 420

gtgaacttca ctcaggcaga ggtctacgct gggaatattc tgtatgagca tgagatgccc 480
cccgagccct tttgggaggc ccatgatacc ctagagctcc agctgtcctc gccgcctgcc 540
cgggacgtgg ccgccaccct tgctgtggct gtgtcttttg aggctgcctg tccccagcgc 600
cccagccacc tctggaagaa caaaggtctc tgggtccccg agggccagcg ggccaggatc 660
accgtggctg ctctggatgc ctccaatctc ttggccagcg ttccatcacc ccagcgctca 720
gagcatgatg tgctcttcca ggtcacacag ttccccagcc gcggccagct gttggtgtcc 780
gaggagcccc tccatgctgg gcagccccac ttcctgcagt cccagctggc tgcagggcag 840

ctagtgtatg cccacggcgg tgggggcacc cagcaggatg gcttccactt tcgtgcccac 900

ctccaggggc cagcaggggc ctccgtggct ggaccccaaa cctcagaggc ctttgccatc 960

acggtgaggg atgtaaatga gcggcccccc cagccacagg cctctgtccc actccggctc 1020

acccgaggct ctcgtgcccc catctcccgg gcccagctga gtgtggtgga cccagactca 1080

gctcctgggg agattgagta cgaggtccag cgggcacccc acaacggctt cctcagcctg 1140

gtgggtggtg gcctggggcc cgtgacccgc ttcacgcaag ccgatgtgga ttcagggcgg 1200

ctggccttcg tggccaacgg gagcagcgtg gcaggcatct tccagctgag catgtctgat 1260

ggggccagcc cacccctgcc catgtccctg gctgtggaca tcctaccatc cgccatcgag 1320

gtgcagctgc gggcacccct ggaggtgccc caagctttgg ggcgctcctc actgagccag 1380

cagcagctcc gggtggtttc agatcgggag gagccagagg cagcataccg gttgatccag 1440

ggaccccagt atgggcatct cctggtgggc gggcggccca cctcggcctt cagccaattc 1500

cagatagacc agggcgaggt ggtctttgcc ttcaccaact cctcctcctc tcatgaccac 1560

ttcagagtcc tggcactggc taggggtgtc aatgcatcag ccgtagtgaa cgtcactgtg 1620

agggctctgc tgcatgtgtg ggcaggtggg ccatggcccc agggtgccac cctgcgcctg 1680

gaccccaccg tcctagatgc tggcgagctg gccaaccgca cagacagtgt gccgcgcttc 1740

cgcctcctgg agggaccccg gcatggccgc gtggtccgcg tgccccgagc caggacggag 1800

cccgggggca gccagctggt ggagcagttc actcagcagg accttgagga cgggaggctg 1860

gggctggagg tgggcaggcc agaggggagg gcccccggcc ccgcaggtga cagtctcact 1920

ctggagctgt gggcacaggg cgtcccgcct gctgtggcct ccctggactt tgccactgag 1980

ccttacaatg ctgcccggcc ctacagcgtg gccctgctca gtgtccccga ggccgcccgg 2040

acggaagcag ggaagccaga gagcagcacc cccacaggcg agccaggccc catggcatcc 2100

agccctgagc ccgctgtggc caagggaggc ttcctgagct ttctagaggc caacatgttc 2160

agcgtcatca tccccatgtg cctggtactt ctgctcctgg cgctcatcct gcccctgctc 2220

ttctacctcc gaaaacgcaa caagacgggc aagcatgacg tccaggtcct gactgccaag 2280

ccccgcaacg gcctggctgg tgacaccgag acctttcgca aggtggagcc aggccaggcc 2340

atcccgctca cagctgtgcc tggccagggg ccccctccag gaggccagcc tgacccagag 2400

ctgctgcagt tctgccggac acccaaccct gcccttaaga atggccagta ctgggtg 2457

<210> 251

<211> 807

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<220><221> misc_feature

<222> (714)..(714)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 251

Pro Ser Asn Gly Arg Val Val Leu Arg Ala Ala Pro Gly Thr Glu Val
1 5 10 15

Arg Ser Phe Thr Gln Ala Gln Leu Asp Gly Gly Leu Val Leu Phe Ser
20 25 30

His Arg Gly Thr Leu Asp Gly Gly Phe Arg Phe Gly Leu Ser Asp Gly
35 40 45

Glu His Thr Ser Ser Gly His Phe Phe Arg Val Thr Ala Gln Lys Gln
50 55 60

Val Leu Leu Ser Leu Glu Gly Ser Arg Thr Leu Thr Val Cys Pro Gly
65 70 75 80

Ser Val Gln Pro Leu Ser Ser Gln Thr Leu Arg Ala Ser Ser Ser Ala
85 90 95

Gly Thr Asp Pro Gln Leu Leu Leu Tyr Arg Val Val Arg Gly Pro Gln
100 105 110

Leu Gly Arg Leu Phe His Ala Gln Gln Asp Ser Thr Gly Glu Ala Leu
115 120 125

Val Asn Phe Thr Gln Ala Glu Val Tyr Ala Gly Asn Ile Leu Tyr Glu
130 135 140

His Glu Met Pro Thr Glu Pro Phe Trp Glu Ala His Asp Thr Leu Glu
145 150 155 160

Leu Gln Leu Ser Ser Pro Pro Ala Arg Asp Val Ala Ala Thr Leu Ala
165 170 175

Val Ala Val Ser Phe Glu Ala Ala Cys Pro Gln Arg Pro Ser His Leu
180 185 190

Trp Lys Asn Lys Gly Leu Trp Val Pro Glu Gly Gln Arg Ala Lys Ile
195 200 205

Thr Met Ala Ala Leu Asp Ala Ser Asn Leu Leu Ala Ser Val Pro Ser
210 215 220

Ser Gln Arg Leu Glu His Asp Val Leu Phe Gln Val Thr Gln Phe Pro
225 230 235 240

Ser Arg Gly Gln Leu Leu Val Ser Glu Glu Pro Leu His Ala Gly Gln
245 250 255

Pro His Phe Leu Gln Ser Gln Leu Ala Ala Gly Gln Leu Val Tyr Ala
260 265 270

His Gly Gly Gly Gly Thr Gln Gln Asp Gly Phe His Phe Arg Ala His
275 280 285

Leu Gln Gly Pro Ala Gly Ala Thr Val Ala Gly Pro Gln Thr Ser Glu
290 295 300

Ala Phe Ala Ile Thr Val Arg Asp Val Asn Glu Arg Pro Pro Gln Pro
305 310 315 320

Gln Ala Ser Val Pro Leu Arg Ile Thr Arg Gly Ser Arg Ala Pro Ile
325 330 335

Ser Arg Ala Gln Leu Ser Val Val Asp Pro Asp Ser Ala Pro Gly Glu
340 345 350

Ile Glu Tyr Glu Val Gln Arg Ala Pro His Asn Gly Phe Leu Ser Leu
355 360 365

Val Gly Gly Gly Pro Gly Pro Val Asn Arg Phe Thr Gln Ala Asp Val
370 375 380

Asp Ser Gly Arg Leu Ala Phe Val Ala Asn Gly Ser Ser Val Ala Gly
385 390 395 400

Val Phe Gln Leu Ser Met Ser Asp Gly Ala Ser Pro Pro Leu Pro Met
405 410 415

Ser Leu Ala Val Asp Ile Leu Pro Ser Ala Ile Glu Val Gln Leu Gln
420 425 430

Ala Pro Leu Glu Val Pro Gln Ala Leu Gly Arg Ser Ser Leu Ser Gln
435 440 445

Gln Gln Leu Arg Val Val Ser Asp Arg Glu Glu Pro Glu Ala Ala Tyr
450 455 460

Arg Leu Ile Gln Gly Pro Lys Tyr Gly His Leu Leu Val Gly Gly Gln

465 470 475 480

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

485 490 495

Phe Ala Phe Thr Asn Phe Ser Ser Ser His Asp His Phe Arg Val Leu

500 505 510

Ala Leu Ala Arg Gly Val Asn Ala Ser Ala Val Val Asn Ile Thr Val

515 520 525

Arg Ala Leu Leu His Val Trp Ala Gly Gly Pro Trp Pro Gln Gly Ala

530 535 540

Thr Leu Arg Leu Asp Pro Thr Ile Leu Asp Ala Gly Glu Leu Ala Asn

545 550 555 560

Arg Thr Gly Ser Val Pro Arg Phe Arg Leu Leu Glu Gly Pro Arg His

565 570 575

Gly Arg Val Val Arg Val Pro Arg Ala Arg Met Glu Pro Gly Gly Ser

580 585 590

Gln Leu Val Glu Gln Phe Thr Gln Gln Asp Leu Glu Asp Gly Arg Leu

595 600 605

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

610 615 620

Asp Ser Leu Thr Leu Glu Leu Trp Ala Gln Gly Val Pro Pro Ala Val

625 630 635 640

Ala Ser Leu Asp Phe Ala Thr Glu Pro Tyr Asn Ala Ala Arg Pro Tyr

645 650 655

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

660 665 670

Lys Pro Glu Ser Ser Thr Pro Thr Gly Glu Pro Gly Pro Met Ala Ser

675 680 685

Ser Pro Val Pro Ala Val Ala Lys Gly Gly Phe Leu Gly Phe Leu Glu

690 695 700

Ala Asn Met Phe Ser Val Ile Ile Pro Xaa Cys Leu Val Leu Leu Leu

705 710 715 720

Leu Ala Leu Ile Leu Pro Leu Leu Phe Tyr Leu Arg Lys Arg Asn Lys
725 730 735
Thr Gly Lys His Asp Val Gln Val Leu Thr Ala Lys Pro Arg Asn Gly
740 745 750

Leu Ala Gly Asp Thr Glu Thr Phe Arg Lys Val Glu Pro Gly Gln Ala
755 760 765
Ile Pro Leu Thr Ala Val Pro Gly Gln Gly Pro Pro Pro Gly Gly Gln
770 775 780
Pro Asp Pro Glu Leu Leu Gln Phe Cys Arg Thr Pro Asn Pro Ala Leu
785 790 795 800
Lys Asn Gly Gln Tyr Trp Val
805

<210> 252

<211> 2421

<212> DNA

<213> Macaca fascicularis

<400> 252

cccagcaacg gacgggtagt gctgcgggcg gcgccgggca ccgaggtgcg cagcttcacg 60
caggcccagc tggatggcgg actcgtgctg ttctcacaca gaggaaccct ggatggaggc 120
ttccgcttcg gcctctccga tggcgagcac acttcctctg gacacttctt ccgagtgacg 180
gcccagaagc aagtgctcct ctcgctggag ggcagccgga cactgactgt ctgcccaggg 240
tccgtgcagc cactcagcag tcagaccctc agagccagct ccagcgcagg caccgacccc 300
cagctcctgc tctaccgtgt ggtgcggggc ccccagctag gccggctgtt ccatgcccag 360
caggacagca caggggaggc cctggtgaac ttcactcagg cagaggtcta tgctgggaat 420

attctgtatg agcatgagat gcccaccgag cccttctggg aggcccatga taccctagag 480
ctccagctgt cctcaccacc tgcccgggac gtggctgcca cccttgctgt ggctgtgtct 540
tttgaggctg cctgtcccca gcgccccagc cacctctgga agaacaaagg tctctgggtc 600
cccgagggcc agcgggccaa gatcaccatg gctgccctgg atgcctccaa cctcttggcc 660
agcgttccat catcccagcg cctagagcat gatgtgctct tccaggtcac gcagttcccc 720
agccggggcc agctattggt gtctgaggag cccctccacg ctgggcagcc ccacttcctg 780
cagtcccagc tggctgcagg gcagctagtg tatgcccacg gcggtggggg tacccaacag 840

gatggcttcc actttcgtgc ccacctccag gggccagcag gggccaccgt ggctggaccc 900

caaacctcag aggcttttgc catcacggtg cgggatgtaa atgagcggcc ccctcagcca 960

caggcctctg tcccactccg gatcacccga ggctctcgag cccccatctc ccgggcccag 1020

ctgagtgtcg tggacccaga ctcagctcct ggggagattg agtatgaggt ccagcgggca 1080

ccccacaacg gcttcctcag cctggtgggt ggtggcccgg ggcccgtgaa ccgcttcacg 1140

caagccgatg tggattcggg gcggctggcc ttcgtggcca acgggagcag cgtagcaggc 1200

gtcttccagc tgagcatgtc tgatggggcc agcccaccgc tgcccatgtc cctggccgtg 1260

gacatcctac catccgccat cgaggtgcag ctgcaggcac ccctggaggt gccccaagct 1320

ttggggcgct cctcactgag ccagcagcag ctccgggtgg tttcagatag ggaggagcca 1380

gaggcagcat accgcctcat ccagggacca aagtacgggc atctcctggt gggtgggcag 1440

cccgcctcgg ccttcagcca actccagata gaccagggcg aggtggtctt tgccttcacc 1500

aacttctcct cctctcatga ccacttcaga gtcctggcac tggctagggg tgtcaacgca 1560

tcagccgtag tgaacatcac tgtgagggct ctgctgcacg tgtgggcagg tgggccatgg 1620

ccccagggtg ctaccctgcg cctggaccca accatcctag atgctggcga gctggccaac 1680

cgcacaggca gtgtgccccg cttccgcctc ctggagggac cccggcatgg ccgcgtggtc 1740

cgtgtgcccc gagccaggat ggagcctggg ggcagccagc tggtggagca gttcactcag 1800

caggaccttg aggatgggag gctggggctg gaggtgggca ggccagaggg aagggccccc 1860

agccccacag gcgacagtct cactctggag ctgtgggcac agggcgtccc acctgctgtg 1920

gcctccctgg actttgccac tgagccttac aatgctgccc ggccctacag cgtggccctg 1980

ctcagtgtcc ccgaggccac ccggacggaa gcagggaagc cagagagcag cacccccaca 2040

ggcgagccag gccccatggc atctagccct gtgcctgctg tggccaaggg aggcttcctg 2100

ggcttccttg aggccaacat gttcagtgtc atcatccccr tgtgcctggt ccttctgctc 2160

ctggcgctca tcttgccccct gctcttctac ctccgaaaac gcaacaagac gggcaagcat 2220

gacgtccagg tcctgactgc caagccccgc aatggtctgg ctggtgacac tgagaccttt 2280

cgcaaggtgg agccaggcca ggccatcccg ctcacagctg tgcctggcca ggggcccccct 2340

ccgggaggcc agcctgaccc agagctgctg cagttctgcc ggacacccaa ccctgccctt 2400

aagaatggcc agtactgggt g 2421

<210> 253

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PCR primer for CD3 epsilon chain - forward primer

<400> 253

agagttctgg gcctctgc 18

<210> 254

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PCR primer for CD3 epsilon chain - reverse primer

<400> 254

cggatgggct catagtctg 19

<210> 255

<211> 192

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> His6-human CD3 epsilon

<400> 255

His His His His His His Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile

1 5 10 15

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

20 25 30

Thr Cys Pro Gln Tyr Pro Gly Ser Glu Ile Leu Trp Gln His Asn Asp

35 40 45

Lys Asn Ile Gly Gly Asp Glu Asp Asp Lys Asn Ile Gly Ser Asp Glu

50 55 60

Asp His Leu Ser Leu Lys Glu Phe Ser Glu Leu Glu Gln Ser Gly Tyr

65 70 75 80

Tyr Val Cys Tyr Pro Arg Gly Ser Lys Pro Glu Asp Ala Asn Phe Tyr

85 90 95

Leu Tyr Leu Arg Ala Arg Val Cys Glu Asn Cys Met Glu Met Asp Val

100 105 110

Met Ser Val Ala Thr Ile Val Ile Val Asp Ile Cys Ile Thr Gly Gly

115 120 125

Leu Leu Leu Leu Val Tyr Tyr Trp Ser Lys Asn Arg Lys Ala Lys Ala

130 135 140

Lys Pro Val Thr Arg Gly Ala Gly Ala Gly Gly Arg Gln Arg Gly Gln

145 150 155 160

Asn Lys Glu Arg Pro Pro Pro Val Pro Asn Pro Asp Tyr Glu Pro Ile

165 170 175

Arg Lys Gly Gln Arg Asp Leu Tyr Ser Gly Leu Asn Gln Arg Arg Ile

180 185 190

<210> 256

<211> 633

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> His6-human CD3 epsilon

<400> 256

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccat 60

catcaccatc atcatcaaga tggtaatgaa gaaatgggtg gtattacaca gacaccatat 120

aaagtctcca tctctggaac cacagtaata ttgacatgcc ctcagtatcc tggatctgaa 180

atactatggc aacacaatga taaaaacata ggcggtgatg aggatgataa aaacataggc 240

agtgatgagg atcacctgtc actgaaggaa ttttcagaat tggagcaaag tggttattat 300

gtctgctacc ccagaggaag caaaccagaa gatgcgaact tttatctcta cctgagggca 360

cgcgtgtgtg agaactgcat ggagatggat gtgatgtcgg tggccacaat tgtcatagtg 420

gacatctgca tcactggggg cttgctgctg ctggtttact actggagcaa gaatagaaag 480

gccaaggcca agcctgtgac acgaggagcg ggtgctggcg gcaggcaaag gggacaaaac 540

aaggagaggc caccacctgt tcccaaccca gactatgagc ccatccggaa aggccagcgg 600

gacctgtatt ctggcctgaa tcagagacgc atc 633

<210> 257

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH3 HL x H2C HL

<400> 257

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
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 Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Val Thr Met Ser Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Glu Ile Asn Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 258

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH3 HL x H2C HL

<400> 258

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaggcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg tcttcggata cctctaccag cactgcctat 240

ttggaaatca acagcctcag aagtgatgac acggctatat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 259

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH3 HL x F12Q HL

<400> 259

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
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 Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Ser Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Glu Ile Asn Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 260

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH3 HL x F12Q HL

<400> 260

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaggcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg tcttcggata cctctaccag cactgcctat 240

ttggaaatca acagcctcag aagtgatgac acggctatat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 261

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH3 HL x I2C HL

<400> 261

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
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 Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Ser Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Glu Ile Asn Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Ile Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445

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

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

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 262

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH3 HL x I2C HL

<400> 262

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaggcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg tcttcggata cctctaccag cactgcctat 240

ttggaaatca acagcctcag aagtgatgac acggctatat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 263

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AF5 HL x H2C HL

<400> 263

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

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Glu Leu His Asn Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

305 310 315 320

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp

355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 264

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AF5 HL x H2C HL

<400> 264

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagcgtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

ttggaactcc acaacctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 265

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AF5 HL x F12Q HL

<400> 265

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

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240

Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 266

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AF5 HL x F12Q HL

<400> 266

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagcgtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

ttggaactcc acaacctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 267

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AF5 HL x I2C HL

<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 Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 268

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AF5 HL x I2C HL

<400> 268

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagcgtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

ttggaactcc acaacctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960
tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020
atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080
ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140
tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200
actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260
tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380
tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440
gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500
aaactgactg tccta 1515

<210> 269
<211> 505
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD33 AC8 HL x H2C HL
<400> 269

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys

145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu

165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

305 310 315 320

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 270
<211> 1515
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD33 AC8 HL x H2C HL
<400> 270
caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120
ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180
gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240
atggaaatcc gcaacctcag aaatgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300
tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 271

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AC8 HL x F12Q HL

<400> 271

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Ile Arg Asn Leu Arg Asn Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys

145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu

165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445

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

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

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 272

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AC8 HL x F12Q HL

<400> 272

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcag aaatgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 273

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AC8 HL x I2C HL

<400> 273

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 274

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AC8 HL x I2C HL

<400> 274

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcag aaatgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380
tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440
gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500
aaactgactg tccta 1515

<210> 275
<211> 505
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD33 AH11 HL x H2C HL
<400> 275

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Ile Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 276

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH11 HL x H2C HL

<400> 276

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatca gcagcctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 277

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH11 HL x F12Q HL

<400> 277

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp

355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 278

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH11 HL x F12Q HL

<400> 278

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatca gcagcctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 279

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH11 HL x I2C HL

<400> 279

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

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

Met Glu Ile Ser Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

305 310 315 320

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp

355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 280

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 AH11 HL x I2C HL

<400> 280

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttaaagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacatat 180

gctgatgact tcaagggacg ggttaccatg acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatca gcagcctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aagaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 281

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B3 HL x H2C HL

<400> 281

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Phe Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Met Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

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

210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr

225 230 235 240

Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

305 310 315 320

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp

355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 282

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B3 HL x H2C HL

<400> 282

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gacaaactat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccttc acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaactcc gcaacctcaa aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc catgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggacattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 283

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B3 HL x F12Q HL

<400> 283

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Phe Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Met Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys

145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu

165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr

225 230 235 240

Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

305 310 315 320

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp

355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 284

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B3 HL x F12Q HL

<400> 284

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120
ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gacaaactat 180
gctgataagt tccagggacg cgttaccttc acttcggata cctctaccag cactgcctat 240
atggaactcc gcaacctcaa aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300
tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360
tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420
atgacacagt ctccagactc catgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540
cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600
atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660
ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggacattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 285

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B3 HL x I2C HL

<400> 285

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Phe Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Asp Ser Met Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys

145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu

165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr

225 230 235 240

Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

305 310 315 320

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445

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

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

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 286

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B3 HL x I2C HL

<400> 286

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gacaaactat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccttc acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaactcc gcaacctcaa aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc catgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggacattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 287

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 F2 HL x H2C HL

<400> 287

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Asp Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Phe Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys

145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu

165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
420 425 430

Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445

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

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

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 288

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 F2 HL x H2C HL

<400> 288

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gacaaactat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccttc acttcggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaactcc gcaacctcaa aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgtctgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 289

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 F2 HL x F12Q HL

<400> 289

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Phe Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 290
<211> 1515
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD33 F2 HL x F12Q HL
<400> 290

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120
ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gacaaactat 180
gctgataagt tccagggacg cgttaccttc acttcggata cctctaccag cactgcctat 240
atggaactcc gcaacctcaa aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300
tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360
tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420
atgacacagt ctccagactc cctgtctgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540
cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600
atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660
ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720
tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780
gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840
tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960
tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020
atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 291

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 F2 HL x I2C HL

<400> 291

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Thr Asn Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Phe Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Asp Ser Leu Ser Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 292
<211> 1515
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD33 F2 HL x I2C HL
<400> 292
caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120
ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gacaaactat 180
gctgataagt tccagggacg cgttaccttc acttcggata cctctaccag cactgcctat 240
atggaactcc gcaacctcaa aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300
tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360
tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420
atgacacagt ctccagactc cctgtctgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 293

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B10 HL x H2C HL

<400> 293

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Asn Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Gly Leu Gln Pro Glu
210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240

Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 294
<211> 1515
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> CD33 B10 HL x H2C HL
<400> 294
caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggtgagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacctat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aacaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcggttct gggacagatt tcactctcac tattgacggc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 295

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B10 HL x F12Q HL

<400> 295

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Ile Arg Asn Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Asn Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Gly Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
485 490 495
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 296

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B10 HL x F12Q HL

<400> 296

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggtgagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacctat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aacaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcggttct gggacagatt tcactctcac tattgacggc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 297

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B10 HL x I2C HL

<400> 297

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe 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 Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Asn Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Gly Leu Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 298

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 B10 HL x I2C HL

<400> 298

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggtgagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacctat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcag aagtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcactac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc aacaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcggttct gggacagatt tcactctcac tattgacggc 660

ctgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 299

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 E11 HL x H2C HL

<400> 299

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Ile Arg Asn Leu Gly Gly Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

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

Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Pro Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 300

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 E11 HL x H2C HL

<400> 300

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacctat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcgg aggtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcacttc ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ccgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggctactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgc tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 301

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 E11 HL x F12Q HL

<400> 301

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Ile Arg Asn Leu Gly Gly Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe Asp Tyr Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160
Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175
Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Pro Gln Pro Glu
210 215 220
Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240
Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

305 310 315 320

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr

340 345 350

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp

355 360 365

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

465 470 475 480

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 302

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 E11 HL x F12Q HL

<400> 302

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacctat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcgg aggtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcacttc ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ccgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaatag ctacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag gcaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acgtttcctg gtgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 303

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 E11 HL x I2C HL

<400> 303

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gly Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Ile Arg Asn Leu Gly Gly Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

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

Gly Gln Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys
145 150 155 160

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Thr Asn Lys Asn Ser Leu
165 170 175

Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser
180 185 190

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

Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Pro Gln Pro Glu
210 215 220

Asp Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr
225 230 235 240

Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser
245 250 255
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
260 265 270

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr
275 280 285
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
290 295 300
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
305 310 315 320
Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
325 330 335

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
340 345 350
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
355 360 365
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
385 390 395 400

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
405 410 415
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
420 425 430
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
435 440 445
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
450 455 460

Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
465 470 475 480
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe

485 490 495

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 304

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 E11 HL x I2C HL

<400> 304

caggtgcagc tggtgcagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggagagtc agtcaaggtc 60

tcctgcaagg ctagcgggta taccttcaca aactatggaa tgaactgggt gaagcaggct 120

ccaggacagg gtttagagtg gatgggctgg ataaacacct acactggaga gccaacctat 180

gctgataagt tccagggacg cgttaccatg actacggata cctctaccag cactgcctat 240

atggaaatcc gcaacctcgg aggtgatgac acggctgtat attactgtgc gcgctggagt 300

tggagtgatg gttactacgt ttactttgac tactggggcc aaggcacttc ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgacatcgtg 420

atgacacagt ctccagactc cctgactgtg tctctgggcg agaggaccac catcaactgc 480

aagtccagcc agagtgtttt agacagctcc acgaataaga actccttagc ttggtaccag 540

cagaaaccag gacagcctcc taaattactc ctttcctggg catctacgcg ggaatccggg 600

atccctgacc gattcagtgg cagcgggtct gggacagatt tcactctcac tattgacagc 660

ccgcagcctg aagattctgc aacttactat tgtcaacagt ctgcccactt cccgatcacc 720

tttggccaag ggacacgact ggagattaaa tccggaggtg gtggctccga ggtgcagctg 780

gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc 840

tctggattca ccttcaataa gtacgccatg aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt 900

ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa tataataatt atgcaacata ttatgccgat 960

tcagtgaaag acaggttcac catctccaga gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa 1020

atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc 1080

ggtaatagct acatatccta ctgggcttac tggggccaag ggactctggt caccgtctcc 1140

tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg 1200

actcaggaac cttcactcac cgtatcacct ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc 1260

tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag 1320

gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc 1380

tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc ctcaccctct caggggtaca gccagaggat 1440

gaggcagaat attactgtgt tctatggtac agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc 1500

aaactgactg tccta 1515

<210> 305

<211> 1125

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 305

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgat 60

ccaaatttct ggctgcaagt gcaggagtca gtgacggtac aggagggttt gtgcgtcctc 120

gtgccctgca ctttcttcca tcccataccc tactacgaca agaactcccc agttcatggt 180

tactggttcc gggaaggagc cattatatcc ggggactctc cagtggccac aaacaagcta 240

gatcaagaag tacaggagga gactcagggc agattccgcc tccttgggga tcccagtagg 300

aacaactgct ccctgagcat cgtagacgcc aggaggaggg ataatggttc atacttcttt 360

cggatggaga gaggaagtac caaatacagt tacaaatctc cccagctctc tgtgcatgtg 420

acagacttga cccacaggcc caaaatcctc atccctggca ctctagaacc cggccactcc 480

aaaaacctga cctgctctgt gtcctgggcc tgtgagcagg gaacaccccc gatcttctcc 540

tggttgtcag ctgcccccac ctccctgggc cccaggacta ctcactcctc ggtgctcata 600

atcaccccac ggccccagga ccacggcacc aacctgacct gtcaggtgaa gttcgctgga 660

gctggtgtga ctacggagag aaccatccag ctcaacgtca cctatgttcc acagaaccca 720

acaactggta tctttccagg agatggctca gggaaacaag agaccagagc aggagtggtt 780

catggggcca ttggaggagc tggtgttaca gccctgctcg ctctttgtct ctgcctcatc 840

ttcttcatag tgaagaccca caggaggaaa gcagccagga cagcagtggg caggaatgac 900

acccacccta ccacagggtc agcctccccg aaacaccaga agaagtccaa gttacatggc 960

cccactgaaa cctcaagctg ttcaggtgcc gcccctactg tggagatgga tgaggagctg 1020

cattatgctt ccctcaactt tcatgggatg aatccttcca aggacacctc caccgaatac 1080

tcagaggtca ggacccagtc cgggcatcat caccatcatc attga 1125

<210> 306

<211> 374

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 306

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

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

Asp Pro Ser Arg Asn Asn Cys Ser Leu Ser Ile Val Asp Ala Arg Arg
100 105 110
Arg Asp Asn Gly Ser Tyr Phe Phe Arg Met Glu Arg Gly Ser Thr Lys
115 120 125
Tyr Ser Tyr Lys Ser Pro Gln Leu Ser Val His Val Thr Asp Leu Thr
130 135 140
His Arg Pro Lys Ile Leu Ile Pro Gly Thr Leu Glu Pro Gly His Ser
145 150 155 160

Lys Asn Leu Thr Cys Ser Val Ser Trp Ala Cys Glu Gln Gly Thr Pro
165 170 175
Pro Ile Phe Ser Trp Leu Ser Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Pro Arg
180 185 190
Thr Thr His Ser Ser Val Leu Ile Ile Thr Pro Arg Pro Gln Asp His
195 200 205
Gly Thr Asn Leu Thr Cys Gln Val Lys Phe Ala Gly Ala Gly Val Thr
210 215 220

Thr Glu Arg Thr Ile Gln Leu Asn Val Thr Tyr Val Pro Gln Asn Pro
225 230 235 240

Thr Thr Gly Ile Phe Pro Gly Asp Gly Ser Gly Lys Gln Glu Thr Arg
245 250 255

Ala Gly Val Val His Gly Ala Ile Gly Gly Ala Gly Val Thr Ala Leu
260 265 270

Leu Ala Leu Cys Leu Cys Leu Ile Phe Phe Ile Val Lys Thr His Arg
275 280 285

Arg Lys Ala Ala Arg Thr Ala Val Gly Arg Asn Asp Thr His Pro Thr
290 295 300

Thr Gly Ser Ala Ser Pro Lys His Gln Lys Lys Ser Lys Leu His Gly
305 310 315 320

Pro Thr Glu Thr Ser Ser Cys Ser Gly Ala Ala Pro Thr Val Glu Met
325 330 335

Asp Glu Glu Leu His Tyr Ala Ser Leu Asn Phe His Gly Met Asn Pro
340 345 350

Ser Lys Asp Thr Ser Thr Glu Tyr Ser Glu Val Arg Thr Gln Ser Gly
355 360 365

His His His His His His
370

<210> 307

<211> 1083

<212> DNA

<213> Macaca sp.

<400> 307

atgccgctgc tgctactgct gcccctgctg tgggcagggg ccctggctat ggatccaaga 60

gtcaggctgg aagtgcagga gtcagtgaca gtacaggagg gtttgtgcgt ccttgtgccc 120

tgcactttct tccatcccgt accctaccac accaggaatt ccccagttca tggttactgg 180

ttccgggaag gagccattgt atccttggac tctccagtgg ccacaaacaa gctagatcaa 240

gaagtacagg aggagaccca gggccgattc cgcctccttg gggatcccag taggaacaac 300

tgctccctga gcatcgtaga tgccaggagg agggataacg gttcatactt ctttcggatg 360

gagaaaggaa gtaccaaata cagttacaaa tctacccagc tctctgtgca tgtgacagac 420

ttgacccaca ggccccaaat cctcatccct ggagccctag accctgacca ctccaaaaac 480

ctgacctgct ctgtgccctg ggcctgtgag cagggaacac ctccaatctt ctcctggatg 540

tcagctgccc ccacctccct gggcctcagg accactcact cctcggtgct cataatcacc 600

ccacggcccc aggaccacgg caccaacctc acctgtcagg tgaagttccc tggagctggc 660

gtgaccacgg agagaaccat ccagctcaat gtctcctatg cttcacagaa cccaagaact 720

gatatctttc taggagacgg ctcagggaaa caaggagtgg ttcagggagc catcgggggа 780

gctggtgtca cagtcctgct cgctctttgt ctctgcctca tcttcttcac agtgaagact 840

cacaggagga aagcagccag gacagcagtg ggcaggatcg acacccaccc cgccacaggg 900

ccaacatcct cgaaacacca gaagaagtcc aagttacatg gcgccactga aacctcaggc 960

tgttcaggta ccacccttac tgtggagatg gatgaggagc tgcactacgc ttccctcaac 1020

tttcatggga tgaatccttc tgaggacacc tccaccgaat actcagaggt caggacccag 1080

tga 1083

<210> 308

<211> 360

<212> PRT

<213> Macaca sp.

<400> 308

Met Pro Leu Leu Leu Leu Leu Pro Leu Leu Trp Ala Gly Ala Leu Ala
1 5 10 15

Met Asp Pro Arg Val Arg Leu Glu Val Gln Glu Ser Val Thr Val Gln
20 25 30

Glu Gly Leu Cys Val Leu Val Pro Cys Thr Phe Phe His Pro Val Pro
35 40 45

Tyr His Thr Arg Asn Ser Pro Val His Gly Tyr Trp Phe Arg Glu Gly
50 55 60

Ala Ile Val Ser Leu Asp Ser Pro Val Ala Thr Asn Lys Leu Asp Gln
65 70 75 80

Glu Val Gln Glu Glu Thr Gln Gly Arg Phe Arg Leu Leu Gly Asp Pro
85 90 95

Ser Arg Asn Asn Cys Ser Leu Ser Ile Val Asp Ala Arg Arg Arg Asp
100 105 110

Asn Gly Ser Tyr Phe Phe Arg Met Glu Lys Gly Ser Thr Lys Tyr Ser
115 120 125

Tyr Lys Ser Thr Gln Leu Ser Val His Val Thr Asp Leu Thr His Arg
130 135 140
Pro Gln Ile Leu Ile Pro Gly Ala Leu Asp Pro Asp His Ser Lys Asn
145 150 155 160
Leu Thr Cys Ser Val Pro Trp Ala Cys Glu Gln Gly Thr Pro Pro Ile
165 170 175

Phe Ser Trp Met Ser Ala Ala Pro Thr Ser Leu Gly Leu Arg Thr Thr
180 185 190
His Ser Ser Val Leu Ile Ile Thr Pro Arg Pro Gln Asp His Gly Thr
195 200 205
Asn Leu Thr Cys Gln Val Lys Phe Pro Gly Ala Gly Val Thr Thr Glu
210 215 220
Arg Thr Ile Gln Leu Asn Val Ser Tyr Ala Ser Gln Asn Pro Arg Thr
225 230 235 240

Asp Ile Phe Leu Gly Asp Gly Ser Gly Lys Gln Gly Val Val Gln Gly
245 250 255
Ala Ile Gly Gly Ala Gly Val Thr Val Leu Leu Ala Leu Cys Leu Cys
260 265 270
Leu Ile Phe Phe Thr Val Lys Thr His Arg Arg Lys Ala Ala Arg Thr
275 280 285
Ala Val Gly Arg Ile Asp Thr His Pro Ala Thr Gly Pro Thr Ser Ser
290 295 300

Lys His Gln Lys Lys Ser Lys Leu His Gly Ala Thr Glu Thr Ser Gly
305 310 315 320
Cys Ser Gly Thr Thr Leu Thr Val Glu Met Asp Glu Glu Leu His Tyr
325 330 335
Ala Ser Leu Asn Phe His Gly Met Asn Pro Ser Glu Asp Thr Ser Thr
340 345 350
Glu Tyr Ser Glu Val Arg Thr Gln
355 360
<210> 309
<211> 843

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 1-27 CD3-Fc + Leader

<400> 309

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactcccaa 60

gatggtaatg aagaaatggg tggtattaca cagacaccat ataaagtctc catctctgga 120

accacagtaa tattgacatc cggagagccc aaatcttgtg acaaaactca cacatgccca 180

ccgtgcccag cacctgaact cctgggggga ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc 240

aaggacaccc tcatgatctc ccggacccct gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc 300

cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc 360

aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac agcacgtacc gtgtggtcag cgtcctcacc 420

gtcctgcacc aggactggct gaatggcaag gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc 480

ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag 540

gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc 600

ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg 660

gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg ctggactccg acggctcctt cttcctctat 720

agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg 780

atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg cagaagagcc tctccctgtc cccgggtaaa 840

tag 843

<210> 310

<211> 280

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 1-27 CD3-Fc + Leader

<400> 310

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val His Ser Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Gly Ile Thr Gln Thr

20 25 30

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

35 40 45

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

100 105 110
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
115 120 125
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
130 135 140
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
145 150 155 160
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

165 170 175
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
180 185 190
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
195 200 205
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
210 215 220
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

225 230 235 240
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
245 250 255
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
260 265 270
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
275 280
<210> 311
<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 UD H2C HL x AF5 HL

<400> 311

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

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly
180 185 190

Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240

Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
245 250 255

Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser
260 265 270

Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Gly
275 280 285

Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met Gly
290 295 300

Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe Lys
305 310 315 320

Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Leu
325 330 335

Glu Leu His Asn Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
340 345 350

Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
355 360 365

Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro
385 390 395 400

Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys Lys
405 410 415

Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu Ala
420 425 430

Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser Trp
435 440 445

Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly
450 455 460

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

465 470 475 480

Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr Phe

485 490 495

Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

500 505

<210> 312

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 UD H2C HL x AF5 HL

<400> 312

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggctact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gctctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtcctatcc ggaggtggtg gctcccaggt gcagctggtc 780

cagtctggag ctgaggtgaa gaagcctgga gcgtcagtca aggtctcctg caaggctagc 840

gggtatacct tcacaaacta tggaatgaac tgggtgaagc aggctccagg acagggttta 900

aagtggatgg gctggataaa cacctacact ggagagccaa catatgctga tgacttcaag 960

ggacgggtta ccatgacttc ggatacctct accagcactg cctatttgga actccacaac 1020

ctcagaagtg atgacacggc tgtatattac tgtgcgcgct ggagttggag tgatggttac 1080

tacgtttact ttgactactg gggccaaggc actacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac acagtctcca 1200

gactccctga ctgtgtctct gggcgagagg accaccatca actgcaagtc cagccagagt 1260
gttttagaca gctccaagaa taagaactcc ttagcttggt accagcagaa accaggacag 1320
cctcctaaat tactcctttc ctgggcatct acgcgggaat ccgggatccc tgaccgattc 1380
agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcactattg acagcctgca gcctgaagat 1440
tctgcaactt actattgtca acagtctgcc cacttcccga tcacctttgg ccaagggaca 1500
cgactggaga ttaaa 1515

<210> 313
<211> 505
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 UD F12Q HL x AF5 HL

<400> 313

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr
20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140

Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly

180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln

245 250 255
Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser
260 265 270
Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Gly
275 280 285
Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met Gly
290 295 300
Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

305 310 315 320
Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Leu
325 330 335
Glu Leu His Asn Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
340 345 350
Arg Trp Ser Trp Ser Asp Gly Tyr Tyr Val Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly
355 360 365
Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro

385 390 395 400

Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys Lys

405 410 415

Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu Ala

420 425 430

Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser Trp

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr Phe

485 490 495

Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

500 505

<210> 314

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 UD F12Q HL x AF5 HL

<400> 314

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat agctacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa aggcaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacgtttcc tggtgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtcctatcc ggaggtggtg gctcccaggt gcagctggtc 780

cagtctggag ctgaggtgaa gaagcctgga gcgtcagtca aggtctcctg caaggctagc 840

gggtatacct tcacaaacta tggaatgaac tgggtgaagc aggctccagg acagggttta 900

aagtggatgg gctggataaa cacctacact ggagagccaa catatgctga tgacttcaag 960

ggacgggtta ccatgacttc ggatacctct accagcactg cctatttgga actccacaac 1020

ctcagaagtg atgacacggc tgtatattac tgtgcgcgct ggagttggag tgatggttac 1080

tacgtttact ttgactactg gggccaaggc actacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac acagtctcca 1200

gactccctga ctgtgtctct gggcgagagg accaccatca actgcaagtc cagccagagt 1260

gttttagaca gctccaagaa taagaactcc ttagcttggt accagcagaa accaggacag 1320

cctcctaaat tactcctttc ctgggcatct acgcgggaat ccgggatccc tgaccgattc 1380

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcactattg acagcctgca gcctgaagat 1440

tctgcaactt actattgtca acagtctgcc cacttcccga tcacctttgg ccaagggaca 1500

cgactggaga ttaaa 1515

<210> 315

<211> 505

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 UD I2C HL x AF5 HL

<400> 315

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val
130 135 140
Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu
145 150 155 160
Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn
165 170 175
Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly

180 185 190
Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu
195 200 205
Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp
210 215 220
Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe
225 230 235 240
Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln

245 250 255
Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser
260 265 270
Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Gly
275 280 285
Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Lys Trp Met Gly
290 295 300
Trp Ile Asn Thr Tyr Thr Gly Glu Pro Thr Tyr Ala Asp Asp Phe Lys

305 310 315 320
Gly Arg Val Thr Met Thr Ser Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Glu Leu His Asn Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Asp Ser Leu Thr Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys Lys

405 410 415

Ser Ser Gln Ser Val Leu Asp Ser Ser Lys Asn Lys Asn Ser Leu Ala

420 425 430

Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Leu Ser Trp

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

Ser Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Ala His Phe Pro Ile Thr Phe

485 490 495

Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys

500 505

<210> 316

<211> 1515

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CD33 UD I2C HL x AF5 HL

<400> 316

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 60

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 120

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 180

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 240

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 300

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 360

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 420

cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 480

acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 540

aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 600

cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 660

cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 720

ggtggaggaa ccaaactgac tgtcctatcc ggaggtggtg gctcccaggt gcagctggtc 780

cagtctggag ctgaggtgaa gaagcctgga gcgtcagtca aggtctcctg caaggctagc 840

gggtatacct tcacaaacta tggaatgaac tgggtgaagc aggctccagg acagggttta 900

aagtggatgg gctggataaa cacctacact ggagagccaa catatgctga tgacttcaag 960

ggacgggtta ccatgacttc ggatacctct accagcactg cctatttgga actccacaac 1020

ctcagaagtg atgacacggc tgtatattac tgtgcgcgct ggagttggag tgatggttac 1080

tacgtttact ttgactactg gggccaaggc actacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac acagtctcca 1200

gactccctga ctgtgtctct gggcgagagg accaccatca actgcaagtc cagccagagt 1260

gttttagaca gctccaagaa taagaactcc ttagcttggt accagcagaa accaggacag 1320

cctcctaaat tactcctttc ctgggcatct acgcgggaat ccgggatccc tgaccgattc 1380

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcactattg acagcctgca gcctgaagat 1440

tctgcaactt actattgtca acagtctgcc cacttcccga tcacctttgg ccaagggaca 1500

cgactggaga ttaaa 1515

<210> 317

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-A9 HL x H2C HL

<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 Pro Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Arg Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160
Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Phe Asn Thr Pro Phe Ala Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 318

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223>

MCSP-A9 HL x H2C HL

<400> 318

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctggata ccccttcacc ggctactaca tgcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180

gcacagaagt ttcagggcag agtcacgatt accgcggacg aatccacgag cacagcctac 240

atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac acagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gtcttatcca gctccaacaa taagaactac ttaaattggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagt tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gcagcctgca ggctgaagat 660

gtggcggttt attactgtca acaacatttt aatactccgt tcgcttttgg ccaggggacc 720

aagctggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggct actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgctctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 319

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-A9 HL x F12Q HL

<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 Pro Phe Thr Gly Tyr
20 25 30

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Phe Asn Thr Pro Phe Ala Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300
Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg
305 310 315 320
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
340 345 350
Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430
Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala

450 455 460

Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495
Leu Thr Val Leu
500

<210> 320

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-A9 HL x F12Q HL

<400> 320

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata ccccttcacc ggctactaca tgcactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag agtcacgatt accgcggacg aatccacgag cacagcctac 240
atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300
gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac acagtctcca 420
gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480
gtcttatcca gctccaacaa taagaactac ttaaattggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagt tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600
agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gcagcctgca ggctgaagat 660
gtggcggttt attactgtca acaacatttt aatactccgt tcgcttttgg ccaggggacc 720
aagctggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780
ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840
aatagctacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900
cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaaggcagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020
actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacgtt 1080

tcctggtggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 321

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-A9 HL x I2C HL

<400> 321

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 Pro Phe Thr Gly Tyr
20 25 30

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Gly Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr
210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Phe Asn Thr Pro Phe Ala Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285

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

Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495
Leu Thr Val Leu
500

<210> 322
<211> 1500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-A9 HL x I2C HL
<400> 322

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctggata ccccttcacc ggctactaca tgcactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggatgg atcaacccta acagtggtgg cacaaactat 180
gcacagaagt ttcagggcag agtcacgatt accgcggacg aatccacgag cacagcctac 240

atggagctga gcaggctgag atctgacgac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300
gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac acagtctcca 420
gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480
gtcttatcca gctccaacaa taagaactac ttaaattggt accagcagaa accaggacag 540
cctcctaagt tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600
agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gcagcctgca ggctgaagat 660

gtggcggttt attactgtca acaacatttt aatactccgt tcgcttttgg ccaggggacc 720

aagctggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 323

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-C8 HL x I2C HL

<400> 323

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205

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

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Pro Gly Thr
225 230 235 240

Lys Val Asp Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285

Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 324

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-C8 HL x I2C HL

<400> 324

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420
gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480
gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540
cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600
agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gtggcctgca ggctgaagat 660
gtggcagttt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccctgggacc 720

aaagtggata tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780
ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840
aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900
cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960
ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020
actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080
tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200
ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260
acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320
ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380
ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440
tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 325

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-B8 HL x I2C HL

<400> 325

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

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

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Thr
130 135 140
Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ser Ala Thr Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 326

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223>

MCSP-B8 HL x I2C HL

<400> 326

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctga ctgtgtctcc gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatcg attccctgca gcctgaagat 660

agtgcaactt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccaggggacc 720

agactggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 327

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-B7 HL x I2C HL

<400> 327

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Thr
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Thr Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205

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

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300
Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
305 310 315 320
Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335

Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
340 345 350
Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400

Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430
Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 328

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-B7 HL x I2C HL

<400> 328

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctga ctgtgtctct gggcgagagg accaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatcg attccctgca gcctgaagat 660

attgcaactt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccaggggacc 720

agactggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 329

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G8 HL x I2C HL

<400> 329

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Thr
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ser Ala Thr Tyr

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445

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

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

Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495

Leu Thr Val Leu
500

<210> 330

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G8 HL x I2C HL

<400> 330

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctga ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatcg attccctgca gcctgaagat 660

agtgcaactt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccaggggacc 720

agactggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 331

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-D5 HL x I2C HL

<400> 331

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Ala Glu Asp Ser Ala Thr Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240

Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300

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

355 360 365

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495

Leu Thr Val Leu
500

<210> 332
<211> 1500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-D5 HL x I2C HL
<400> 332
caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatcg attccctgca ggctgaagat 660

agtgcaactt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccaggggacc 720

agactggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 333

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F7 HL x I2C HL

<400> 333

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

1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

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

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140
Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Asp Val Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser
290 295 300

Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg
305 310 315 320

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met
325 330 335
Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
340 345 350
Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln
355 360 365
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430
Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445

Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495
Leu Thr Val Leu
500

<210> 334
<211> 1500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223>
MCSP-F7 HL x I2C HL

<400> 334

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatcg atgtcctgca gcctgaagat 660

attgcaactt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccaggggacc 720

agactggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 335

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G5 HL x I2C HL

<400> 335

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala
130 135 140

Val Ser Leu Gly Asp Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160
Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175
Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190
Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205

Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ser Ala Thr Tyr
210 215 220
Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 336

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G5 HL x I2C HL

<400> 336

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctgg ctgtgtctct gggcgacagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatcg attccctgca gcctgaggat 660

agtgcaactt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccaggggacc 720

agactggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 337

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F8 HL x I2C HL

<400> 337

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Thr
130 135 140

Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser
145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Lys Asn Asn Arg Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg
180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
195 200 205
Phe Thr Leu Thr Ile Asp Ser Leu Gln Ala Glu Asp Ser Ala Ile Tyr
210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Phe Thr Phe Gly Gln Gly Thr
225 230 235 240
Arg Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
245 250 255
Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser
260 265 270
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val
275 280 285

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

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

Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430
Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Leu Thr Val Leu

500

<210> 338

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-F8 HL x I2C HL

<400> 338

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60

tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtctcca 420

gactccctga ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480

gttttaaaca gcaagaacaa taggaactac ttagcttggt accagcagaa accaggacag 540

cctcctaagc tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatcg attccctgca ggctgaagat 660

agtgcaattt attactgtca gcaacattat agtactccat tcacttttgg ccaggggacc 720

agactggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 339

<211> 500

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MCSP-G10 HL x I2C HL

<400> 339

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Met Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Pro Asn Ser Gly Ala Thr Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr
65 70 75 80

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

Ala Lys Ser Trp Val Ser Trp Phe Ala Ser Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Leu Ser Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln

165 170 175

Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg

180 185 190

Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Cys Gln Gln His Phe Asn Thr Pro Phe Ala Phe Gly Gln Gly Thr

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser

260 265 270

Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser
385 390 395 400
Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys
420 425 430

Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala
450 455 460
Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr
465 470 475 480
Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys
485 490 495

Leu Thr Val Leu
500

<210> 340
<211> 1500
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> MCSP-G10 HL x I2C HL
<400> 340

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaggc ctggggcctc aatgaaggtc 60
tcctgcaagg cttctgggta caccttcacc aactactata tacactgggt gcgacaggcc 120
cctggacaag gtcttgagtg gatgggttgg atcaacccta acagtggtgc cacaaactat 180
gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gaaatcctgg 300

gtctcctggt ttgcttcctg gggtcaagga accttggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac acagtctcca 420
gactccctgg ctgtgtctct gggcgagagg gccaccatca actgcaagtc cagccagagt 480
gtcttatcca gctccaacaa taagaactac ttaaattggt accagcagaa accaggacag 540
cctcctaagt tgctcattta ctgggcatct acccgggaat ccggggtccc tgaccgattc 600

agtggcagcg ggtctgggac agatttcact ctcaccatca gcagcctgca ggctgaagat 660

gtggcggttt attactgtca acaacatttt aatactccgt tcgcttttgg ccaggggacc 720

aagctggaga tcaaatccgg aggtggtgga tccgaggtgc agctggtcga gtctggagga 780

ggattggtgc agcctggagg gtcattgaaa ctctcatgtg cagcctctgg attcaccttc 840

aataagtacg ccatgaactg ggtccgccag gctccaggaa agggtttgga atgggttgct 900

cgcataagaa gtaaatataa taattatgca acatattatg ccgattcagt gaaagacagg 960

ttcaccatct ccagagatga ttcaaaaaac actgcctatc tacaaatgaa caacttgaaa 1020

actgaggaca ctgccgtgta ctactgtgtg agacatggga acttcggtaa tagctacata 1080

tcctactggg cttactgggg ccaagggact ctggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt 1140

tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt tctcagactg ttgtgactca ggaaccttca 1200

ctcaccgtat cacctggtgg aacagtcaca ctcacttgtg gctcctcgac tggggctgtt 1260

acatctggca actacccaaa ctgggtccaa caaaaaccag gtcaggcacc ccgtggtcta 1320

ataggtggga ctaagttcct cgcccccggt actcctgcca gattctcagg ctccctgctt 1380

ggaggcaagg ctgccctcac cctctcaggg gtacagccag aggatgaggc agaatattac 1440

tgtgttctat ggtacagcaa ccgctgggtg ttcggtggag gaaccaaact gactgtccta 1500

<210> 341

<211> 8

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400

> 341

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly

1 5

<210> 342

<211> 8

<212> PRT

<213> Saimiri sciureus

<400> 342

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Ile Gly

1 5

<210> 343

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Thioate-modified CpG-Oligonucleotide

<400> 343

tccatgacgt tcctgatgct 20

<210> 344

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MVH1

<400> 344

gcaggtgcag ctcgaggagt caggacct 28

<210> 345

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MVH2

<400> 345

gaggtccagc tcgagcagtc tggacct 27

<210> 346

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MVH3

<400> 346

caggtccaac tcgagcagcc tggggct 27

<210> 347

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223>

MVH4

<400> 347

gaggttcagc tcgagcagtc tggggca 27

<210> 348

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MVH5

<400> 348

gaaggtgaag ctcgaggagt ctggagga 28

<210> 349

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MVH6

<400> 349

gaggtgaagc ttctcgagtc tggaggt 27

<210> 350

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<

220><223> MVH7

<400> 350

gaagtgaagc tcgaggagtc tggggga 27

<210> 351

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MVH8

<400> 351

gaggttcagc tcgagcagtc tggagct 27

<210> 352

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MuVHBstEII

<400> 352

tgaggagacg gtgaccgtgg tcccttggcc ccag 34

<210> 353

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUVK1

<400> 353

ccagttccga gctcgttgtg actcaggaat ct 32

<210> 354

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUVK2

<400> 354

ccagttccga gctcgtgttg acgcagccgc cc 32

<210> 355

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUVK3

<400> 355

ccagttccga gctcgtgctc acccagtctc ca 32

<210> 356

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUVK4

<400> 356

ccagttccga gctccagatg acccagtctc ca 32

<210> 357

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUVK5

<400> 357

ccagatgtga gctcgtgatg acccagactc ca 32

<210> 358

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUVK6

<400> 358

ccagatgtga gctcgtcatg acccagtctc ca 32

<210> 359

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MUVK7

<400> 359

ccagttccga gctcgtgatg acacagtctc ca 32

<210> 360

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MuVkHindIII/BsiW1

<400> 360

tggtgcacta gtcgtacgtt tgatctcaag cttggtccc 39

<210> 361

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 361

gatctggtct acaccatcga gc 22

<210> 362

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 362

ggagctgctg ctggctcagt gagg 24

<210> 363

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 363

ttccagctga gcatgtctga tgg 23

<210> 364

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 364

cgatcagcat ctgggcccag g 21

<210> 365

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 365

gtggagcagt tcactcagca ggacc 25

<210> 366

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 366

gccttcacac ccagtactgg cc 22

<210> 367

<211> 59

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 367

tcccgtacga gatctggatc ccaattggat ggcggactcg tgctgttctc acacagagg 59

<210> 368

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 368

agtgggtcga ctcacaccca gtactggcca ttcttaaggg caggg 45

<210> 369

<211> 64

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 369

gaggaattca ccatgccgct gctgctactg ctgcccctgc tgtgggcagg ggccctggct 60

atgg 64

<210> 370

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220

><223> reverse primer

<400> 370

gatttgtaac tgtatttggt acttcc 26

<210> 371

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 371

attccgcctc cttggggatc c 21

<210> 372

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 372

gcataggaga cattgagctg gatgg 25

<210> 373

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 373

gcaccaacct gacctgtcag g 21

<210> 374

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 374

agtgggtcga ctcactgggt cctgacctct gagtattcg 39

<210> 375

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 VL

<400> 375

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile

20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile Tyr

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr

85 90 95

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 376

<211> 318

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 VL

<400> 376

gacatccagc tgacccagag cccatccagc ctgtctgcta gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgca gcgccagcag cagcgtgcgg ttcatccact ggtatcagca gaagcccggc 120

aaggccccca agaggctgat ctacgacacc agcaagctgg ctagcggcgt gccaagcaga 180

ttcagcggca gcggctccgg caccgacttc accctgacca tcagcagcct gcagccagag 240

gacttcgcta cctattactg ccagcagtgg agcagcagcc ccttcacctt cggccagggc 300

accaaggtgg agatcaag 318

<210> 377

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 LCDR1

<400> 377

Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile His

1 5 10

<210> 378

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 LCDR2

<400

> 378

Asp Thr Ser Lys Leu Ala Ser

1 5

<210> 379

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 LCDR3

<400> 379

Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr

1 5

<210> 380

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 H

<400> 380

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 Asn Ile Lys Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

100 105 110

<210> 381

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 H

<400> 381

gaggtgcagc tggtcgagtc tggcggagga ctggtgcagc caggcggctc cctgagactg 60

agctgcgccg ccagcggctt caacatcaag gactactaca tccactgggt ccggcaggct 120

ccaggcaagg gactggaatg ggtggcctgg atcgacccag agaacggcga caccgagttc 180

gtgcccaagt tccagggcag agccaccatc agcgccgaca cctccaagaa caccgcctac 240

ctgcagatga acagcctgag ggccgaggac accgccgtgt actactgcaa gaccggcggc 300

ttctggggac agggcaccct ggtcaccgtg tcctcc 336

<210> 382

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 HCDR1

<400> 382

Asp Tyr Tyr Ile His

1 5

<210> 383

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 HCDR2

<400> 383

Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 384

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 HCDR3

<400> 384

Gly Gly Phe

1

<210> 385

<211> 233

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 HL

<400> 385

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 Asn Ile Lys Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ala Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp

115 120 125

Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp

130 135 140

Arg Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile His

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr Phe

210 215 220

Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

225 230

<210> 386

<211> 699

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 HL

<400> 386

gaggtgcagc tggtcgagtc tggcggagga ctggtgcagc caggcggctc cctgagactg 60

agctgcgccg ccagcggctt caacatcaag gactactaca tccactgggt ccggcaggct 120

ccaggcaagg gactggaatg ggtggcctgg atcgacccag agaacggcga caccgagttc 180

gtgcccaagt tccagggcag agccaccatc agcgccgaca cctccaagaa caccgcctac 240

ctgcagatga acagcctgag ggccgaggac accgccgtgt actactgcaa gaccggcggc 300

ttctggggac agggcaccct ggtcaccgtg tcctccggtg gtggtggttc tggcggcggc 360

ggctccggtg gtggtggttc tgacatccag ctgacccaga gcccatccag cctgtctgct 420

agcgtgggcg acagagtgac catcacctgc agcgccagca gcagcgtgcg gttcatccac 480

tggtatcagc agaagcccgg caaggccccc aagaggctga tctacgacac cagcaagctg 540

gctagcggcg tgccaagcag attcagcggc agcggctccg gcaccgactt caccctgacc 600

atcagcagcc tgcagccaga ggacttcgct acctattact gccagcagtg gagcagcagc 660

cccttcacct tcggccaggg caccaaggtg gagatcaag 699

<210> 387

<211> 233

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 LH

<400> 387

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile
20 25 30

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

Asp Thr Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

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

Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr
85 90 95

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
115 120 125

Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala
130 135 140

Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Tyr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln
145 150 155 160

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Trp Ile Asp Pro Glu Asn
165 170 175

Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe Gln Gly Arg Ala Thr Ile Ser
180 185 190

Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg
195 200 205

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly
210 215 220

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
225 230

<210> 388

<211> 699

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 LH

<400> 388

gacatccagc tgacccagag cccatccagc ctgtctgcta gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgca gcgccagcag cagcgtgcgg ttcatccact ggtatcagca gaagcccggc 120

aaggccccca agaggctgat ctacgacacc agcaagctgg ctagcggcgt gccaagcaga 180

ttcagcggca gcggctccgg caccgacttc accctgacca tcagcagcct gcagccagag 240

gacttcgcta cctattactg ccagcagtgg agcagcagcc ccttcacctt cggccagggc 300

accaaggtgg agatcaaggg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 360

tctgaggtgc agctggtcga gtctggcgga ggactggtgc agccaggcgg ctccctgaga 420

ctgagctgcg ccgccagcgg cttcaacatc aaggactact acatccactg ggtccggcag 480

gctccaggca agggactgga atgggtggcc tggatcgacc cagagaacgg cgacaccgag 540

ttcgtgccca agttccaggg cagagccacc atcagcgccg acacctccaa gaacaccgcc 600

tacctgcaga tgaacagcct gagggccgag gacaccgccg tgtactactg caagaccggc 660

ggcttctggg gacagggcac cctggtcacc gtgtcctcc 699

<210> 389

<211> 488

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 HL x I2C HL

<400> 389

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 Asn Ile Lys Asp Tyr
20 25 30

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

Ala Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Ala Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp
115 120 125

Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp
130 135 140
Arg Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile His
145 150 155 160
Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Asp
165 170 175
Thr Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly
180 185 190

Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp
195 200 205
Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr Phe
210 215 220
Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
225 230 235 240
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
245 250 255

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
260 265 270
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
275 280 285
Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
290 295 300
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

305 310 315 320

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
325 330 335
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
340 345 350
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
355 360 365
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
370 375 380

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
385 390 395 400
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
405 410 415
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
420 425 430
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
435 440 445

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
450 455 460
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
465 470 475 480
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
485

<210> 390
<211> 1464
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-1 HL x I2C HL
<400> 390
gaggtgcagc tggtcgagtc tggcggagga ctggtgcagc caggcggctc cctgagactg 60

agctgcgccg ccagcggctt caacatcaag gactactaca tccactgggt ccggcaggct 120

ccaggcaagg gactggaatg ggtggcctgg atcgacccag agaacggcga caccgagttc 180

gtgcccaagt tccagggcag agccaccatc agcgccgaca cctccaagaa caccgcctac 240

ctgcagatga acagcctgag ggccgaggac accgccgtgt actactgcaa gaccggcggc 300

ttctggggac agggcaccct ggtcaccgtg tcctccggtg gtggtggttc tggcggcggc 360

ggctccggtg gtggtggttc tgacatccag ctgacccaga gcccatccag cctgtctgct 420

agcgtgggcg acagagtgac catcacctgc agcgccagca gcagcgtgcg gttcatccac 480

tggtatcagc agaagcccgg caaggccccc aagaggctga tctacgacac cagcaagctg 540

gctagcggcg tgccaagcag attcagcggc agcggctccg gcaccgactt caccctgacc 600

atcagcagcc tgcagccaga ggacttcgct acctattact gccagcagtg gagcagcagc 660

cccttcacct tcggccaggg caccaaggtg gagatcaagt ccggaggtgg tggatccgag 720

gtgcagctgg tcgagtctgg aggaggattg gtgcagcctg gagggtcatt gaaactctca 780

tgtgcagcct ctggattcac cttcaataag tacgccatga actgggtccg ccaggctcca 840

ggaaagggtt tggaatgggt tgctcgcata agaagtaaat ataataatta tgcaacatat 900

tatgccgatt cagtgaaaga caggttcacc atctccagag atgattcaaa aaacactgcc 960

tatctacaaa tgaacaactt gaaaactgag gacactgccg tgtactactg tgtgagacat 1020

gggaacttcg gtaatagcta catatcctac tgggcttact ggggccaagg gactctggtc 1080

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctcag 1140

actgttgtga ctcaggaacc ttcactcacc gtatcacctg gtggaacagt cacactcact 1200

tgtggctcct cgactggggc tgttacatct ggcaactacc caaactgggt ccaacaaaaa 1260

ccaggtcagg caccccgtgg tctaataggt gggactaagt tcctcgcccc cggtactcct 1320

gccagattct caggctccct gcttggaggc aaggctgccc tcaccctctc aggggtacag 1380

ccagaggatg aggcagaata ttactgtgtt ctatggtaca gcaaccgctg ggtgttcggt 1440

ggaggaacca aactgactgt ccta 1464

<210> 391

<211> 487

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 LH x I2C HL

<400> 391

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile

20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile Tyr

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr

85 90 95

Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser

115 120 125

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

130 135 140

Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Tyr Tyr Ile His Trp Val Arg Gln

145 150 155 160

Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Trp Ile Asp Pro Glu Asn

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe Gln Gly Arg Ala Thr Ile Ser

180 185 190

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

195 200 205

Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

260 265 270

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

325 330 335

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala

450 455 460

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly

465 470 475 480

Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485

<210> 392

<211> 1461

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-1 LH x I2C HL

<400> 392

gacatccagc tgacccagag cccatccagc ctgtctgcta gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgca gcgccagcag cagcgtgcgg ttcatccact ggtatcagca gaagcccggc 120

aaggccccca agaggctgat ctacgacacc agcaagctgg ctagcggcgt gccaagcaga 180

ttcagcggca gcggctccgg caccgacttc accctgacca tcagcagcct gcagccagag 240

gacttcgcta cctattactg ccagcagtgg agcagcagcc ccttcacctt cggccagggc 300

accaaggtgg agatcaaggg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 360

tctgaggtgc agctggtcga gtctggcgga ggactggtgc agccaggcgg ctccctgaga 420

ctgagctgcg ccgccagcgg cttcaacatc aaggactact acatccactg ggtccggcag 480

gctccaggca agggactgga atgggtggcc tggatcgacc cagagaacgg cgacaccgag 540

ttcgtgccca agttccaggg cagagccacc atcagcgccg acacctccaa gaacaccgcc 600

tacctgcaga tgaacagcct gagggccgag gacaccgccg tgtactactg caagaccggc 660

ggcttctggg gacagggcac cctggtcacc gtgtcctccg gaggtggtgg atccgaggtg 720

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 780

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 840

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 900

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 960

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1020

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1080

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1140

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1200

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1260

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1320

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1380

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1440

ggaaccaaac tgactgtcct a 1461

<210> 393

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 VL

<400> 393

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

Glu Ser Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Phe Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ala Phe Thr Leu Arg Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His
85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys
100 105 110

<210> 394

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 VL

<400> 394

gacatcgtga tgacccaggc cgctccaagc gtgccagtga ccccaggcga gagcgtgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tttctgcaga ggccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgccttcac cctgaggatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gcggagggac caagctggaa ctgaag 336

<210> 395

<211> 16

<

212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 LCDR1

<400> 395

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 396

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 LCDR2

<400> 396

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 397

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 LCDR3

<400> 397

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 398

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 H

<400> 398

Gln Val Gln Val Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Pro Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60
Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Ile Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 399
<211> 351
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-2 H
<400> 399

caggtgcagg tgcagcagcc aggcgccgaa ctggtcaagc ctggcgcccc agtgaagctg 60
tcctgcaagg ccagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagagg 120
cccggcaggg gcctggaatg gatcggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180
gaccagaagt tcaaggacaa ggccaccctg accgtggaca agagcagcag caccgcctac 240
atccagctgt ccagcctgac cagcgaggac agcgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accagcgtga ccgtgtcttc c 351

<210> 400
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-2 HCDR1
<400> 400

Asn Tyr Trp Leu Asn
1 5

<210> 401

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 HCDR2

<400> 401

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 402

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 HCDR3

<400> 402

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr

1 5

<210> 403

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 LH

<400> 403

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

1 5 10 15

Glu Ser Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Phe Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ala Phe Thr Leu Arg Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His
85 90 95
Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Leu Lys

100 105 110
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
115 120 125
Val Gln Val Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala Pro
130 135 140
Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Trp
145 150 155 160
Leu Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile Gly

165 170 175
Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys
180 185 190
Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Ile
195 200 205
Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
210 215 220
Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val

225 230 235 240
Thr Val Ser Ser

<210> 404
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-2 LH
<400> 404
gacatcgtga tgacccaggc cgctccaagc gtgccagtga ccccaggcga gagcgtgtcc 60
atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120
tttctgcaga ggccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180
agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgccttcac cctgaggatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gcggagggac caagctggaa ctgaagggtg gtggtggttc tggcggcggc 360
ggctccggtg gtggtggttc tcaggtgcag gtgcagcagc caggcgccga actggtcaag 420
cctggcgccc cagtgaagct gtcctgcaag gccagcggct acaccttcac caactactgg 480
ctgaactggg tgaaacagag gcccggcagg ggcctggaat ggatcggcag gatcgacccc 540
agcgacagcg agatccacta cgaccagaag ttcaaggaca aggccaccct gaccgtggac 600
aagagcagca gcaccgccta catccagctg tccagcctga ccagcgagga cagcgccgtg 660
tactattgcg ccctgaccgg catctacgcc atggcctact ggggccaggg caccagcgtg 720

accgtgtctt cc 732

<210> 405
<211> 498
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-2 LH x I2C HL
<400> 405

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

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

100 105 110
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
115 120 125

Val Gln Val Gln Gln Pro Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala Pro

130 135 140

Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Trp

145 150 155 160

Leu Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile Gly

165 170 175

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

180 185 190

Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Ile

195 200 205

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

210 215 220

Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Ser Val

225 230 235 240

Thr Val Ser 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> 406

<211> 1494

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-2 LH x I2C HL

<400> 406

gacatcgtga tgacccaggc cgctccaagc gtgccagtga ccccaggcga gagcgtgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tttctgcaga ggccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgccttcac cctgaggatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gcggagggac caagctggaa ctgaagggtg gtggtggttc tggcggcggc 360

ggctccggtg gtggtggttc tcaggtgcag gtgcagcagc caggcgccga actggtcaag 420

cctggcgccc cagtgaagct gtcctgcaag gccagcggct acaccttcac caactactgg 480

ctgaactggg tgaaacagag gcccggcagg ggcctggaat ggatcggcag gatcgacccc 540

agcgacagcg agatccacta cgaccagaag ttcaaggaca aggccaccct gaccgtggac 600

aagagcagca gcaccgccta catccagctg tccagcctga ccagcgagga cagcgccgtg 660

tactattgcg ccctgaccgg catctacgcc atggcctact ggggccaggg caccagcgtg 720

accgtgtctt ccggaggtgg tggatccgag gtgcagctgg tcgagtctgg aggaggattg 780

gtgcagcctg gagggtcatt gaaactctca tgtgcagcct ctggattcac cttcaataag 840

tacgccatga actgggtccg ccaggctcca ggaaagggtt tggaatgggt tgctcgcata 900

agaagtaaat ataataatta tgcaacatat tatgccgatt cagtgaaaga caggttcacc 960

atctccagag atgattcaaa aaacactgcc tatctacaaa tgaacaactt gaaaactgag 1020

gacactgccg tgtactactg tgtgagacat gggaacttcg gtaatagcta catatcctac 1080

tgggcttact ggggccaagg gactctggtc accgtctcct caggtggtgg tggttctggc 1140

ggcggcggct ccggtggtgg tggttctcag actgttgtga ctcaggaacc ttcactcacc 1200

gtatcacctg gtggaacagt cacactcact tgtggctcct cgactggggc tgttacatct 1260

ggcaactacc caaactgggt ccaacaaaaa ccaggtcagg caccccgtgg tctaataggt 1320

gggactaagt tcctcgcccc cggtactcct gccagattct caggctccct gcttggaggc 1380

aaggctgccc tcaccctctc aggggtacag ccagaggatg aggcagaata ttactgtgtt 1440

ctatggtaca gcaaccgctg ggtgttcggt ggaggaacca aactgactgt ccta 1494

<210> 407

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 VL

<400> 407

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

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp Ser
20 25 30

Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro
50 55 60

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

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly

85 90 95

Thr His Phe Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 408

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 VL

<400> 408

gacgtggtca tgacccagac ccccctgacc ctgagcgtga ccatcggcca gccagccagc 60

atctcttgca agtccagcca gtccctgctg gacagcgacg gcaagaccta cctgaactgg 120

ctgctgcaga ggccaggcca gagccccaag aggctgatct acctggtgtc caccctggac 180

agcggcgtgc cagacagatt caccggcagc ggctccggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agcagggtgg aggccgagga cctgggcgtg tactactgct ggcagggcac ccacttccca 300

aggaccttcg gcggagggac caagctggaa atcaag 336

<210> 409

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 LCDR1

<400> 409

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp Ser Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 410

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 LCDR2

<400> 410

Leu Val Ser Thr Leu Asp Ser

1 5

<210> 411

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 LCDR3

<400> 411

Trp Gln Gly Thr His Phe Pro Arg Thr

1 5

<210> 412

<211> 114

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 H

<400>

412

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu Glu Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Pro Ser Gly Asn Ser Phe Thr Gly Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Val Asp Pro Asn Asn Gly Phe Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Gly Asn Phe Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val

100 105 110

Ser Ser

<210> 413

<211> 342

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 H

<400

> 413

gaagtgcagc tgcagcagag cggcccagac ctggaaaagc caggcgccag cgtgaagatt 60

tcctgcaagc ccagcggcaa cagcttcacc ggctactaca tccactgggt gaaacagtcc 120

cacgggaaga gcctggaatg gatcggcaga gtggacccca acaacggctt cacctcctac 180

aaccagaagt tcaagggcaa ggccatcctg accgtggaca agagcagcag caccgcctac 240

atggaactga gaagcctgac cagcgaggac agcgccgtgt actattgcgt gggcaacttc 300

ttcgacagct ggggccaggg aaccacactg accgtgtcct cc 342

<210> 414

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 HCDR1

<400> 414

Gly Tyr Tyr Ile His

1 5

<210> 415

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 HCDR2

<400> 415

Arg Val Asp Pro Asn Asn Gly Phe Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 416

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 HCDR3

<400> 416

Asn Phe Phe Asp Ser

1 5

<210> 417

<211> 241

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 HL

<400> 417

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu Glu Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Pro Ser Gly Asn Ser Phe Thr Gly Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Val Asp Pro Asn Asn Gly Phe Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Gly Asn Phe Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val

100 105 110

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile

130 135 140

Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp

145 150 155 160

Ser Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln

165 170 175

Ser Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val

180 185 190

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

195 200 205

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln

210 215 220

Gly Thr His Phe Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

225 230 235 240

Lys

<210> 418

<211> 723

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 HL

<400> 418

gaagtgcagc tgcagcagag cggcccagac ctggaaaagc caggcgccag cgtgaagatt 60

tcctgcaagc ccagcggcaa cagcttcacc ggctactaca tccactgggt gaaacagtcc 120

cacgggaaga gcctggaatg gatcggcaga gtggacccca acaacggctt cacctcctac 180

aaccagaagt tcaagggcaa ggccatcctg accgtggaca agagcagcag caccgcctac 240

atggaactga gaagcctgac cagcgaggac agcgccgtgt actattgcgt gggcaacttc 300

ttcgacagct ggggccaggg aaccacactg accgtgtcct ccggtggtgg tggttctggc 360

ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac gtggtcatga cccagacccc cctgaccctg 420

agcgtgacca tcggccagcc agccagcatc tcttgcaagt ccagccagtc cctgctggac 480

agcgacggca agacctacct gaactggctg ctgcagaggc caggccagag ccccaagagg 540

ctgatctacc tggtgtccac cctggacagc ggcgtgccag acagattcac cggcagcggc 600

tccggcaccg acttcaccct gaagatcagc agggtggagg ccgaggacct gggcgtgtac 660

tactgctggc agggcaccca cttcccaagg accttcggcg gagggaccaa gctggaaatc 720

aag 723

<210> 419

<211> 241

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 LH

<400> 419

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

50 55 60
Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80
Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly
85 90 95
Thr His Phe Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

115 120 125
Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu Glu Lys Pro Gly Ala Ser
130 135 140
Val Lys Ile Ser Cys Lys Pro Ser Gly Asn Ser Phe Thr Gly Tyr Tyr
145 150 155 160
Ile His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile Gly
165 170 175
Arg Val Asp Pro Asn Asn Gly Phe Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

180 185 190
Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met
195 200 205
Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Val
210 215 220
Gly Asn Phe Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser
225 230 235 240

Ser

<210> 420

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 LH

<400> 420

Gly Ala Cys Gly Thr Gly Gly Thr Cys Ala Thr Gly Ala Cys Cys Cys
1 5 10 15

Ala Gly Ala Cys Cys Cys Cys Cys Cys Thr Gly Ala Cys Cys Cys Thr
20 25 30

Gly Ala Gly Cys Gly Thr Gly Ala Cys Cys Ala Thr Cys Gly Gly Cys
35 40 45

Cys Ala Gly Cys Cys Ala Gly Cys Cys Ala Gly Cys Ala Thr Cys Thr

50 55 60

Cys Thr Thr Gly Cys Ala Ala Gly Thr Cys Cys Ala Gly Cys Cys Ala
65 70 75 80

Gly Thr Cys Cys Cys Thr Gly Cys Thr Gly Gly Ala Cys Ala Gly Cys
85 90 95

Gly Ala Cys Gly Gly Cys Ala Ala Gly Ala Cys Cys Thr Ala Cys Cys
100 105 110

Thr Gly Ala Ala Cys Thr Gly Gly Cys Thr Gly Cys Thr Gly Cys Ala

115 120 125

Gly Ala Gly Gly Cys Cys Ala Gly Gly Cys Cys Ala Gly Ala Gly Cys
130 135 140

Cys Cys Cys Ala Ala Gly Ala Gly Gly Cys Thr Gly Ala Thr Cys Thr
145 150 155 160

Ala Cys Cys Thr Gly Gly Thr Gly Thr Cys Cys Ala Cys Cys Cys Thr
165 170 175

Gly Gly Ala Cys Ala Gly Cys Gly Gly Cys Gly Thr Gly Cys Cys Ala

180 185 190

Gly Ala Cys Ala Gly Ala Thr Thr Cys Ala Cys Cys Gly Gly Cys Ala

195 200 205

Gly Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys Gly Gly Cys Ala Cys Cys Gly Ala

210 215 220

Cys Thr Thr Cys Ala Cys Cys Cys Thr Gly Ala Ala Gly Ala Thr Cys

225 230 235 240

Ala Gly Cys Ala Gly Gly Gly Thr Gly Gly Ala Gly Gly Cys Cys Gly

245 250 255

Ala Gly Gly Ala Cys Cys Thr Gly Gly Gly Cys Gly Thr Gly Thr Ala

260 265 270

Cys Thr Ala Cys Thr Gly Cys Thr Gly Gly Cys Ala Gly Gly Gly Cys

275 280 285

Ala Cys Cys Cys Ala Cys Thr Thr Cys Cys Cys Ala Ala Gly Gly Ala

290 295 300

Cys Cys Thr Thr Cys Gly Gly Cys Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ala Cys

305 310 315 320

Cys Ala Ala Gly Cys Thr Gly Gly Ala Ala Ala Thr Cys Ala Ala Gly

325 330 335

Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Thr Cys Thr Gly

340 345 350

Gly Cys Gly Gly Cys Gly Gly Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys Gly Gly

355 360 365

Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Thr Cys Thr Gly Ala Ala

370 375 380

Gly Thr Gly Cys Ala Gly Cys Thr Gly Cys Ala Gly Cys Ala Gly Ala

385 390 395 400

Gly Cys Gly Gly Cys Cys Cys Ala Gly Ala Cys Cys Thr Gly Gly Ala

405 410 415

Ala Ala Ala Gly Cys Cys Ala Gly Gly Cys Gly Cys Cys Ala Gly Cys

420 425 430

Gly Thr Gly Ala Ala Gly Ala Thr Thr Thr Cys Cys Thr Gly Cys Ala

435 440 445

Ala Gly Cys Cys Cys Ala Gly Cys Gly Gly Cys Ala Ala Cys Ala Gly

450 455 460

Cys Thr Thr Cys Ala Cys Cys Gly Gly Cys Thr Ala Cys Thr Ala Cys

465 470 475 480

Ala Thr Cys Cys Ala Cys Thr Gly Gly Gly Thr Gly Ala Ala Ala Cys

485 490 495

Ala Gly Thr Cys Cys Cys Ala Cys Gly Gly Gly Ala Ala Gly Ala Gly

500 505 510

Cys Cys Thr Gly Gly Ala Ala Thr Gly Gly Ala Thr Cys Gly Gly Cys

515 520 525

Ala Gly Ala Gly Thr Gly Gly Ala Cys Cys Cys Cys Ala Ala Cys Ala

530 535 540

Ala Cys Gly Gly Cys Thr Thr Cys Ala Cys Cys Thr Cys Cys Thr Ala

545 550 555 560

Cys Ala Ala Cys Cys Ala Gly Ala Ala Gly Thr Thr Cys Ala Ala Gly

565 570 575

Gly Gly Cys Ala Ala Gly Gly Cys Cys Ala Thr Cys Cys Thr Gly Ala

580 585 590

Cys Cys Gly Thr Gly Gly Ala Cys Ala Ala Gly Ala Gly Cys Ala Gly

595 600 605

Cys Ala Gly Cys Ala Cys Cys Gly Cys Cys Thr Ala Cys Ala Thr Gly

610 615 620

Gly Ala Ala Cys Thr Gly Ala Gly Ala Ala Gly Cys Cys Thr Gly Ala

625 630 635 640

Cys Cys Ala Gly Cys Gly Ala Gly Gly Ala Cys Ala Gly Cys Gly Cys

645 650 655

Cys Gly Thr Gly Thr Ala Cys Thr Ala Thr Thr Gly Cys Gly Thr Gly

660 665 670

Gly Gly Cys Ala Ala Cys Thr Thr Cys Thr Thr Cys Gly Ala Cys Ala

675 680 685

Gly Cys Thr Gly Gly Gly Gly Cys Cys Ala Gly Gly Gly Ala Ala Cys

690 695 700

Cys Ala Cys Ala Cys Thr Gly Ala Cys Cys Gly Thr Gly Thr Cys Cys

705 710 715 720

Thr Cys Cys

<210> 421

<211> 496

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 HL x I2C HL

<400> 421

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu Glu Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Pro Ser Gly Asn Ser Phe Thr Gly Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Val Asp Pro Asn Asn Gly Phe Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Val Gly Asn Phe Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val

100 105 110

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile

130 135 140

Gly Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp

145 150 155 160

Ser Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln

165 170 175

Ser Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val

180 185 190

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

195 200 205

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln

210 215 220

Gly Thr His Phe Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly

340 345 350

Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

<210> 422

<211> 1488

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 HL x I2C HL

<400> 422

gaagtgcagc tgcagcagag cggcccagac ctggaaaagc caggcgccag cgtgaagatt 60

tcctgcaagc ccagcggcaa cagcttcacc ggctactaca tccactgggt gaaacagtcc 120

cacgggaaga gcctggaatg gatcggcaga gtggacccca acaacggctt cacctcctac 180

aaccagaagt tcaagggcaa ggccatcctg accgtggaca agagcagcag caccgcctac 240

atggaactga gaagcctgac cagcgaggac agcgccgtgt actattgcgt gggcaacttc 300

ttcgacagct ggggccaggg aaccacactg accgtgtcct ccggtggtgg tggttctggc 360

ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac gtggtcatga cccagacccc cctgaccctg 420

agcgtgacca tcggccagcc agccagcatc tcttgcaagt ccagccagtc cctgctggac 480

agcgacggca agacctacct gaactggctg ctgcagaggc caggccagag ccccaagagg 540

ctgatctacc tggtgtccac cctggacagc ggcgtgccag acagattcac cggcagcggc 600

tccggcaccg acttcaccct gaagatcagc agggtggagg ccgaggacct gggcgtgtac 660

tactgctggc agggcaccca cttcccaagg accttcggcg gagggaccaa gctggaaatc 720

aagtccggag gtggtggatc cgaggtgcag ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag 780

cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca gcctctggat tcaccttcaa taagtacgcc 840

atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt 900

aaatataata attatgcaac atattatgcc gattcagtga aagacaggtt caccatctcc 960

agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta caaatgaaca acttgaaaac tgaggacact 1020

gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac ttcggtaata gctacatatc ctactgggct 1080

tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc 1140

ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt gtgactcagg aaccttcact caccgtatca 1200

cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc tcctcgactg gggctgttac atctggcaac 1260

tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt caggcacccc gtggtctaat aggtgggact 1320

aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct 1380

gccctcaccc tctcaggggt acagccagag gatgaggcag aatattactg tgttctatgg 1440

tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga accaaactga ctgtccta 1488

<210> 423

<211> 495

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 LH x I2C HL

<400> 423

Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Thr Leu Ser Val Thr Ile Gly

1 5 10 15

Gln Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asp Ser

20 25 30

Asp Gly Lys Thr Tyr Leu Asn Trp Leu Leu Gln Arg Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Leu Val Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro

50 55 60

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

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Trp Gln Gly

85 90 95

Thr His Phe Pro Arg Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

115 120 125

Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu Glu Lys Pro Gly Ala Ser

130 135 140

Val Lys Ile Ser Cys Lys Pro Ser Gly Asn Ser Phe Thr Gly Tyr Tyr

145 150 155 160

Ile His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile Gly

165 170 175

Arg Val Asp Pro Asn Asn Gly Phe Thr Ser Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

180 185 190

Gly Lys Ala Ile Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met

195 200 205

Glu Leu Arg Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Val

210 215 220

Gly Asn Phe Phe Asp Ser Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser

225 230 235 240

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn

340 345 350

Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

355 360 365

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr

465 470 475 480

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

485 490 495

<210> 424

<211> 1485

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-3 LH x I2C HL

<400> 424

gacgtggtca tgacccagac ccccctgacc ctgagcgtga ccatcggcca gccagccagc 60

atctcttgca agtccagcca gtccctgctg gacagcgacg gcaagaccta cctgaactgg 120

ctgctgcaga ggccaggcca gagccccaag aggctgatct acctggtgtc caccctggac 180

agcggcgtgc cagacagatt caccggcagc ggctccggca ccgacttcac cctgaagatc 240

agcagggtgg aggccgagga cctgggcgtg tactactgct ggcagggcac ccacttccca 300

aggaccttcg gcggagggac caagctggaa atcaagggtg gtggtggttc tggcggcggc 360

ggctccggtg gtggtggttc tgaagtgcag ctgcagcaga gcggcccaga cctggaaaag 420

ccaggcgcca gcgtgaagat ttcctgcaag cccagcggca acagcttcac cggctactac 480

atccactggg tgaaacagtc ccacgggaag agcctggaat ggatcggcag agtggacccc 540

aacaacggct tcacctccta caaccagaag ttcaagggca aggccatcct gaccgtggac 600

aagagcagca gcaccgccta catggaactg agaagcctga ccagcgagga cagcgccgtg 660

tactattgcg tgggcaactt cttcgacagc tggggccagg gaaccacact gaccgtgtcc 720

tccggaggtg gtggatccga ggtgcagctg gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct 780

ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc tctggattca ccttcaataa gtacgccatg 840

aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa 900

tataataatt atgcaacata ttatgccgat tcagtgaaag acaggttcac catctccaga 960

gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc 1020

gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc ggtaatagct acatatccta ctgggcttac 1080

tggggccaag ggactctggt caccgtctcc tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 1140

tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg actcaggaac cttcactcac cgtatcacct 1200

ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac 1260

ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag 1320

ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc 1380

ctcaccctct caggggtaca gccagaggat gaggcagaat attactgtgt tctatggtac 1440

agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc aaactgactg tccta 1485

<210> 425

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 VL

<400> 425

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

Glu Lys Val Thr Met Ala Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile
20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Thr Ser Pro Lys Arg Trp Ile Tyr
35 40 45

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

50 55 60

Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Thr Met Glu Ala Glu
65 70 75 80
Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr
85 90 95
Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Ile Ile Lys
100 105

<210> 426
<211> 318
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-4 VL
<400> 426
caggtggtgc tgacccagag cccagccatc atgagcgcca gcccaggcga gaaagtgacc 60

atggcctgca gcgccagcag cagcgtgcgg ttcatccact ggtatcagca gaagtccggc 120
accagcccca agagatggat ctacgacacc agcaagctgg ctagcggcgt gccaaccaga 180
ttcagcggaa gcggctccgg cacctcctac agcctgacca tcagcaccat ggaagccgag 240
gacgccgcca cctactactg ccagcagtgg agcagcagcc ccttcacctt cggcagcggc 300
accaagctga tcatcaag 318

<210> 427
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-4 LCDR1
<400> 427
Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile His

1 5 10

<210> 428
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-4 LCDR2

<400> 428

Asp Thr Ser Lys Leu Ala Ser

1 5

<210> 429

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 LCDR3

<400> 429

Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr

1 5

<210> 430

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 H

<400> 430

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Ser Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Asn Gln Arg Pro Asp Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Ala Thr Met Thr Ala Asp Ile Phe Ser Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu His Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

100 105 110

<210> 431

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 H

<400> 431

gaagtgcagc tgcagcagtc tggagccgag ctggtcagat ctggagccag cgtgaagctg 60

tcttgcaccg ccagcggctt caacatcaag gactactaca tccactgggt gaaccagagg 120

cccgaccagg gcctggaatg gatcggctgg atcgaccccg agaacggcga caccgagttc 180

gtgcccaagt tccagggcaa ggccaccatg accgccgaca tcttcagcaa caccgcctac 240

ctgcacctga gcagcctgac ctctgaggac accgccgtgt actactgcaa gaccggcggc 300

ttctggggac agggcaccct ggtcaccgtg tcctcc 336

<210> 432

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 HCDR1

<400> 432

Asp Tyr Tyr Ile His

1 5

<210> 433

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 HCDR2

<400> 433

Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 434

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 HCDR3

<400> 434

Gly Gly Phe

1

<210> 435

<211> 233

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 HL

<400> 435

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Ser Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Tyr

20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Asn Gln Arg Pro Asp Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Lys Ala Thr Met Thr Ala Asp Ile Phe Ser Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu His Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln

115 120 125

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

130 135 140

Lys Val Thr Met Ala Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile His

145 150 155 160

Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Thr Ser Pro Lys Arg Trp Ile Tyr Asp

165 170 175

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

180 185 190

Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Thr Met Glu Ala Glu Asp

195 200 205

Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr Phe

210 215 220

Gly Ser Gly Thr Lys Leu Ile Ile Lys

225 230

<210> 436

<211> 699

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 HL

<400> 436

gaagtgcagc tgcagcagtc tggagccgag ctggtcagat ctggagccag cgtgaagctg 60

tcttgcaccg ccagcggctt caacatcaag gactactaca tccactgggt gaaccagagg 120

cccgaccagg gcctggaatg gatcggctgg atcgaccccg agaacggcga caccgagttc 180

gtgcccaagt tccagggcaa ggccaccatg accgccgaca tcttcagcaa caccgcctac 240

ctgcacctga gcagcctgac ctctgaggac accgccgtgt actactgcaa gaccggcggc 300

ttctggggac agggcaccct ggtcaccgtg tcctccggtg gtggtggttc tggcggcggc 360

ggctccggtg gtggtggttc tcaggtggtg ctgacccaga gcccagccat catgagcgcc 420

agcccaggcg agaaagtgac catggcctgc agcgccagca gcagcgtgcg gttcatccac 480

tggtatcagc agaagtccgg caccagcccc aagagatgga tctacgacac cagcaagctg 540

gctagcggcg tgccaaccag attcagcgga agcggctccg gcacctccta cagcctgacc 600

atcagcacca tggaagccga ggacgccgcc acctactact gccagcagtg gagcagcagc 660

cccttcacct tcggcagcgg caccaagctg atcatcaag 699

<210> 437

<211> 233

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 LH

<400> 437

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

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ala Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile

20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Thr Ser Pro Lys Arg Trp Ile Tyr

35 40 45

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

50 55 60

Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Thr Met Glu Ala Glu

65 70 75 80

Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr

85 90 95

Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Ile Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser

115 120 125

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

130 135 140

Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Tyr Tyr Ile His Trp Val Asn Gln

145 150 155 160

Arg Pro Asp Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Trp Ile Asp Pro Glu Asn

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe Gln Gly Lys Ala Thr Met Thr

180 185 190

Ala Asp Ile Phe Ser Asn Thr Ala Tyr Leu His Leu Ser Ser Leu Thr

195 200 205

Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly

210 215 220

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

225 230

<210> 438

<211> 699

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 LH

<400> 438

caggtggtgc tgacccagag cccagccatc atgagcgcca gcccaggcga gaaagtgacc 60

atggcctgca gcgccagcag cagcgtgcgg ttcatccact ggtatcagca gaagtccggc 120

accagcccca agagatggat ctacgacacc agcaagctgg ctagcggcgt gccaaccaga 180

ttcagcggaa gcggctccgg cacctcctac agcctgacca tcagcaccat ggaagccgag 240

gacgccgcca cctactactg ccagcagtgg agcagcagcc ccttcacctt cggcagcggc 300

accaagctga tcatcaaggg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 360

tctgaagtgc agctgcagca gtctggagcc gagctggtca gatctggagc cagcgtgaag 420

ctgtcttgca ccgccagcgg cttcaacatc aaggactact acatccactg ggtgaaccag 480

aggcccgacc agggcctgga atggatcggc tggatcgacc ccgagaacgg cgacaccgag 540

ttcgtgccca agttccaggg caaggccacc atgaccgccg acatcttcag caacaccgcc 600

tacctgcacc tgagcagcct gacctctgag gacaccgccg tgtactactg caagaccggc 660

ggcttctggg gacagggcac cctggtcacc gtgtcctcc 699

<210> 439

<211> 488

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 HL x I2C HL

<400> 439

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Ser Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Thr Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Tyr
20 25 30

Tyr Ile His Trp Val Asn Gln Arg Pro Asp Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Trp Ile Asp Pro Glu Asn Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Lys Ala Thr Met Thr Ala Asp Ile Phe Ser Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu His Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln
115 120 125
Val Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ile Met Ser Ala Ser Pro Gly Glu
130 135 140
Lys Val Thr Met Ala Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile His
145 150 155 160
Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Thr Ser Pro Lys Arg Trp Ile Tyr Asp
165 170 175

Thr Ser Lys Leu Ala Ser Gly Val Pro Thr Arg Phe Ser Gly Ser Gly
180 185 190
Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Thr Met Glu Ala Glu Asp
195 200 205
Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr Phe
210 215 220
Gly Ser Gly Thr Lys Leu Ile Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
225 230 235 240

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
245 250 255
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
260 265 270
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
275 280 285
Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
290 295 300

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
305 310 315 320
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

325 330 335

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

340 345 350

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

450 455 460

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

465 470 475 480

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485

<210> 440

<211> 1464

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 HL x I2C HL

<400> 440

gaagtgcagc tgcagcagtc tggagccgag ctggtcagat ctggagccag cgtgaagctg 60

tcttgcaccg ccagcggctt caacatcaag gactactaca tccactgggt gaaccagagg 120

cccgaccagg gcctggaatg gatcggctgg atcgaccccg agaacggcga caccgagttc 180

gtgcccaagt tccagggcaa ggccaccatg accgccgaca tcttcagcaa caccgcctac 240

ctgcacctga gcagcctgac ctctgaggac accgccgtgt actactgcaa gaccggcggc 300

ttctggggac agggcaccct ggtcaccgtg tcctccggtg gtggtggttc tggcggcggc 360

ggctccggtg gtggtggttc tcaggtggtg ctgacccaga gcccagccat catgagcgcc 420

agcccaggcg agaaagtgac catggcctgc agcgccagca gcagcgtgcg gttcatccac 480

tggtatcagc agaagtccgg caccagcccc aagagatgga tctacgacac cagcaagctg 540

gctagcggcg tgccaaccag attcagcgga agcggctccg gcacctccta cagcctgacc 600

atcagcacca tggaagccga ggacgccgcc acctactact gccagcagtg gagcagcagc 660

cccttcacct tcggcagcgg caccaagctg atcatcaagt ccggaggtgg tggatccgag 720

gtgcagctgg tcgagtctgg aggaggattg gtgcagcctg gagggtcatt gaaactctca 780

tgtgcagcct ctggattcac cttcaataag tacgccatga actgggtccg ccaggctcca 840

ggaaagggtt tggaatgggt tgctcgcata agaagtaaat ataataatta tgcaacatat 900

tatgccgatt cagtgaaaga caggttcacc atctccagag atgattcaaa aaacactgcc 960

tatctacaaa tgaacaactt gaaaactgag gacactgccg tgtactactg tgtgagacat 1020

gggaacttcg gtaatagcta catatcctac tgggcttact ggggccaagg gactctggtc 1080

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctcag 1140

actgttgtga ctcaggaacc ttcactcacc gtatcacctg gtggaacagt cacactcact 1200

tgtggctcct cgactggggc tgttacatct ggcaactacc caaactgggt ccaacaaaaa 1260

ccaggtcagg caccccgtgg tctaataggt gggactaagt tcctcgcccc cggtactcct 1320

gccagattct caggctccct gcttggaggc aaggctgccc tcaccctctc aggggtacag 1380

ccagaggatg aggcagaata ttactgtgtt ctatggtaca gcaaccgctg ggtgttcggt 1440

ggaggaacca aactgactgt ccta 1464

<210> 441

<211> 487

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA-4 LH x I2C HL

<400> 441

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

Glu Lys Val Thr Met Ala Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Arg Phe Ile
20 25 30

His Trp Tyr Gln Gln Lys Ser Gly Thr Ser Pro Lys Arg Trp Ile Tyr

35 40 45

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

50 55 60

Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Thr Met Glu Ala Glu

65 70 75 80

Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Trp Ser Ser Ser Pro Phe Thr

85 90 95

Phe Gly Ser Gly Thr Lys Leu Ile Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser

115 120 125

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

130 135 140

Ala Ser Gly Phe Asn Ile Lys Asp Tyr Tyr Ile His Trp Val Asn Gln

145 150 155 160

Arg Pro Asp Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Trp Ile Asp Pro Glu Asn

165 170 175

Gly Asp Thr Glu Phe Val Pro Lys Phe Gln Gly Lys Ala Thr Met Thr

180 185 190

Ala Asp Ile Phe Ser Asn Thr Ala Tyr Leu His Leu Ser Ser Leu Thr

195 200 205

Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Lys Thr Gly Gly Phe Trp Gly

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met

260 265 270

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg

275 280 285

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

Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr
340 345 350
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser
355 360 365
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln
370 375 380
Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
385 390 395 400

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val
405 410 415
Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys
420 425 430
Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
435 440 445
Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala
450 455 460

Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly
465 470 475 480
Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
485

<210> 442
<211> 1461
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PSCA-4 LH x I2C HL
<400> 442

caggtggtgc tgacccagag cccagccatc atgagcgcca gcccaggcga gaaagtgacc 60

atggcctgca gcgccagcag cagcgtgcgg ttcatccact ggtatcagca gaagtccggc 120

accagcccca agagatggat ctacgacacc agcaagctgg ctagcggcgt gccaaccaga 180

ttcagcggaa gcggctccgg cacctcctac agcctgacca tcagcaccat ggaagccgag 240

gacgccgcca cctactactg ccagcagtgg agcagcagcc ccttcacctt cggcagcggc 300

accaagctga tcatcaaggg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 360

tctgaagtgc agctgcagca gtctggagcc gagctggtca gatctggagc cagcgtgaag 420

ctgtcttgca ccgccagcgg cttcaacatc aaggactact acatccactg ggtgaaccag 480

aggcccgacc agggcctgga atggatcggc tggatcgacc ccgagaacgg cgacaccgag 540

ttcgtgccca agttccaggg caaggccacc atgaccgccg acatcttcag caacaccgcc 600

tacctgcacc tgagcagcct gacctctgag gacaccgccg tgtactactg caagaccggc 660

ggcttctggg gacagggcac cctggtcacc gtgtcctccg gaggtggtgg atccgaggtg 720

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 780

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 840

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 900

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 960

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1020

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1080

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1140

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1200

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1260

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1320

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1380

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1440

ggaaccaaac tgactgtcct a 1461

<210> 443

<211> 130

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 443

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val His Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Leu Leu Cys Tyr Ser

20 25 30

Cys Lys Ala Gln Val Ser Asn Glu Asp Cys Leu Gln Val Glu Asn Cys

35 40 45

Thr Gln Leu Gly Glu Gln Cys Trp Thr Ala Arg Ile Arg Ala Val Gly

50 55 60

Leu Leu Thr Val Ile Ser Lys Gly Cys Ser Leu Asn Cys Val Asp Asp

65 70 75 80

Ser Gln Asp Tyr Tyr Val Gly Lys Lys Asn Ile Thr Cys Cys Asp Thr

85 90 95

Asp Leu Cys Asn Ala Ser Gly Ala His Ala Leu Gln Pro Ala Ala Ala

100 105 110

Ile Leu Ala Leu Leu Pro Ala Leu Gly Leu Leu Leu Trp Gly Pro Gly

115 120 125

Gln Leu

130

<210> 444

<211> 393

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 444

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgat 60

tacaaggacg acgatgacaa gctgctgtgc tactcctgca aagcccaggt gagcaacgag 120

gactgcctgc aggtggagaa ctgcacccag ctgggggagc agtgctggac cgcgcgcatc 180

cgcgcagttg gcctcctgac cgtcatcagc aaaggctgca gcttgaactg cgtggatgac 240

tcacaggact actacgtggg caagaagaac atcacgtgct gtgacaccga cttgtgcaac 300

gccagcgggg cccatgccct gcagccggct gctgccatcc ttgcgctgct ccctgcactc 360

ggcctgctgc tctggggacc cggccagctc tag 393

<210> 445

<211> 130

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 445

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Leu Leu Cys Tyr Ser
20 25 30

Cys Lys Ala Gln Val Ser Asn Glu Asp Cys Leu Asn Val Glu Asn Cys
35 40 45

Thr Gln Pro Glu Glu Gln Cys Trp Thr Glu Arg Ile Arg Ala Val Gly
50 55 60

Leu Leu Thr Val Ile Ser Lys Gly Cys Ser Ser Asn Cys Val Asp Asp
65 70 75 80

Ser Gln Asp Tyr Tyr Val Gly Lys Lys Asn Ile Thr Cys Cys Asp Thr
85 90 95

Asp Leu Cys Asn Ala Ser Gly Ala His Ala Leu Gln Pro Ala Ala Ala
100 105 110

Ile Leu Ala Leu Leu Pro Ala Leu Ser Leu Leu Leu Trp Gly Pro Arg
115 120 125

Gln Leu
130

<210> 446

<211> 393

<212> DNA

<213> Macaca fascicularis

<400> 446

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgat 60

tacaaggacg acgatgacaa gctgctgtgc tactcctgca aggcccaggt gagcaacgag 120

gactgcctga atgtggagaa ctgcacgcag ccggaggagc agtgctggac cgagcgcatc 180

cgcgccgtgg gcctcctgac cgtcatcagc aaaggctgca gctcaaactg cgtggatgac 240

tcacaggact actacgtggg caagaagaac atcacctgct gtgacaccga cctgtgcaac 300

gccagcgggg cccatgcact gcagccggct gctgccatcc tggcactgct ccctgcactc 360

agcctgctgc tttggggccc cagacagctg tag 393

<210> 447

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 447

caccacagcc caccagtgac c 21

<210> 448

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 448

gaggcctggg gcaccacacc c 21

<210> 449

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VH-A-XhoI

<400> 449

cctgatctcg agagcggcsc agasstgraa aagccaggcg ccacggtgaa gatt 54

<210> 450

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VH-B

<400> 450

ggcgccacgg tgaagatttc ctgcaagsyc agcggcwaca cgttcaccgg ctactacatc 60

cactgggtg 69

<210> 451

<211> 87

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VH-C

<400> 451

gtaggaggtg aagccgttgt tggggtccac tctgccsatc cattccaggc ycttcccgkg 60

ggmctgttkc acccagtgga tgtagta 87

<210> 452

<211> 87

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VH-D

<400> 452

aacggcttca cctcctacaa ccagaagttc aagggcargg ycayamtkac cgyggacamg 60

agcaccrrca ccgcctacat ggaactg 87

<210> 453

<211> 78

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VH-E

<400> 453

gctgtcgaag aagttgcccr cgcaatagta cacggcggtg tcctcgctgs kcaggctkct 60

cagttccatg taggcggt 78

<210> 454

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VH-F-BstEII

<400> 454

cacgtcggtg accgtggttc cctggcccca gctgtcgaag aagttgcc 48

<210> 455

<211> 87

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223>

PSCA2VH-A-XHO1

<400> 455

caggtgctcg agycaggcgc cgaastgrwg aagcctggcg ccmcagtgaa gmtatcctgc 60

aaggycagcg gctacacctt caccaac 87

<210> 456

<211> 93

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VH-B

<400> 456

gctgtcgctg gggtcgatcc tgccyatcca ttccaggccc ytgccgggcs yctgttkcac 60

ccagttcagc cagtagttgg tgaaggtgta gcc 93

<210> 457

<211> 93

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223>

PSCA2VH-C

<400> 457

aggatcgacc ccagcgacag cgagatccac tacgaccaga agttcaagga caragycacc 60

mtaaccgygg acamgagcac crrcaccgcc tac 93

<210> 458

<211> 76

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VH-D

<400> 458

ggccagggcg caatagtaca cggcggtgtc ctcgcttstc aggctggaca gctssatgta 60

ggcggtgyyg gtgctc 76

<210> 459

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VH-E-BSTE2

<400> 459

agacacggtg accgtggtgc cctggcccca gtaggccatg gcgtagatgc cggtcagggc 60

gcaatagtac ac 72

<210> 460

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VL-A-SacI

<400> 460

cctgtagagc tcgtcatgac ccagtccccc ctgtccctgm scgtgaccmt cggccagcca 60

gccagcatc 69

<210> 461

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VL-B

<400

> 461

ccagttcagg taggtcttgc cgtcgctgtc cagcagggac tggctggact tgcaagagat 60

gctggctggc tggcc 75

<210> 462

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VL-C

<400> 462

aagacctacc tgaactggyt scwgcagagg ccaggccaga gcccccargag gctgatctac 60

ctggtgtcca ccctg 75

<210> 463

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VL-D

<400> 463

ggtgaagtcg gtgccggagc cgctgccgga gaatctgtct ggcacgccgc tgtccagggt 60

ggacaccagg ta 72

<210> 464

<211> 78

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VL-E

<400> 464

tccggcaccg acttcaccct gaagatcagc agggtggagg ccgaggacst gggcgtgtac 60

tactgctggc agggcacc 78

<210> 465

<211> 81

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> P3-VL-F-BsiWI/SpeI

<400> 465

ccagacacta gtcgtacgct tgatttccag cttggtccct ccgccgaagg tccttgggaa 60

gtgggtgccc tgccagcagt a 81

<210> 466

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VL-a-SAC1

<400> 466

cagacagagc tcgtgatgac ccagkcasct cyaagcstgc cagtgacccc aggcgagyca 60

gygtccatca gctgcaggtc cagc 84

<210> 467

<211> 91

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VL-b

<400> 467

ctgggggctc tggcctggcy tctgcagawa ccagtacagg taggtgttgc cgttgctgtg 60

cagcaggctc ttgctggacc tgcagctgat g 91

<210> 468

<211> 90

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VL-c

<400> 468

ccaggccaga gcccccagct gctgatctac aggatgagca acctggctag cggcgtgcca 60

gacagattca gcggcagcgg ctctggaacc 90

<210> 469

<211> 78

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VL-d

<400> 469

caggcagtag tacacgccca cgtcctcggc ctccaccctg ctgatcytca gggtgaagkc 60

ggttccagag ccgctgcc 78

<210> 470

<211> 90

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PSCA2VL-e-BsiW1-Spe1

<400> 470

gtgctgacta gtcgtacgct tgatttccag cttggtccct tggccgaagg tgtaggggta 60

ttccaggtgc tgcaggcagt agtacacgcc 90

<210> 471

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 L

<400> 471

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

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

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 472
<211> 333
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37 L
<400> 472
gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60
atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120
caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240
cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300
acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333
<210> 473
<211> 15
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37 LCDR1
<400> 473
Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Asp Ser Tyr Leu Asn
1 5 10 15
<210> 474
<211> 7
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 LCDR2

<400> 474

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser
1 5

<210> 475

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 LCDR3

<400> 475

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr
1 5

<210> 476

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 H

<400> 476

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 477

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 H

<400> 477

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 478

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 HCDR1

<400> 478

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 479

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 HCDR2

<400> 479

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 480

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 HCDR3

<400> 480

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 481

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 LH x I2C HL

<400> 481

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

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

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

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

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 482
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37 LH x I2C HL
<400> 482
gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60
atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120
caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180
gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240
cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300
acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420
gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480
aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540
gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 483

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 LH x H2C HL

<400> 483

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

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

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

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp
420 425 430
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 484
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 LH x H2C HL
<400> 484
gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60
atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg ctactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgctct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 485

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 LH x F12Q HL

<400> 485

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

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

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 486

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37 LH x F12Q HL

<400> 486

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaatagcta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaaggca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctacg tttcctggtg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 487

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 L

<400> 487

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 488

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 L

<400> 488

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgcgt ctctagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcagc aggtggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 489

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 LCDR1

<400> 489

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Asp Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 490

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 LCDR2

<400> 490

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 491

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 LCDR3

<400> 491

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 492

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 H

<400> 492

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Gly Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 493

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 H

<400> 493

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaagg cttctggcta tacattcact agctactgga tgaactgggt gaagcagggc 120

cctggacagg gtcttgagtg gatgggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg catccaccag cacagtctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 494

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 HCDR1

<400> 494

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 495

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 HCDR2

<400> 495

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 496

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 HCDR3

<400> 496

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 497

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 LH x I2C HL

<400> 497

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

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

130 135 140

Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Gly Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Ala Ser Thr Ser Thr Val Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

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

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

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 498
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 26-D6 LH x I2C HL

<400> 498

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgcgt ctctagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcagc aggtggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt gaagaagcct 420

ggggcctcag tgaaggtttc ctgcaaggct tctggctata cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga agcagggccc tggacagggt cttgagtgga tgggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgca 600

tccaccagca cagtctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 499

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 L

<400> 499

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

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro
50 55 60

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

Ser Val Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 500

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 L

<400> 500

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctgtgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 501

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 LCDR1

<400> 501

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Asp Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 502

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 LCDR2

<400> 502

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 503

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 LCDR3

<400> 503

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 504

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 H

<400> 504

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Met Thr Ala Asp Pro Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Gly Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 505

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 H

<400> 505

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag ctgaagaagc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta ttcattcact agctactgga tgaactgggt gaagcaggcc 120

cctggacagg gtcttgagtg gatgggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactatg actgctgacc catccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctggg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 506

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 HCDR1

<400> 506

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 507

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 HCDR2

<400> 507

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 508

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 HCDR3

<400> 508

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 509

<211

> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 LH x I2C HL

<400> 509

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

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Ser Val Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125
Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190
Lys Ala Thr Met Thr Ala Asp Pro Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Gly Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300
Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 510

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 45-A10 LH x I2C HL

<400> 510

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctgtgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgagct gaagaagcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatt cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga agcaggcccc tggacagggt cttgagtgga tgggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactatgac tgctgaccca 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgggat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 511

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11 L

<400> 511

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

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Lys Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His

65 70 75 80

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

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 512

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11 L

<400> 512

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgcgt ctgtagggga aagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagatac caggaaagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctggagc aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 513

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11 LCDR1

<400> 513

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Asp Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 514

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11

LCDR2

<400> 514

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 515

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11

LCDR3

<400> 515

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 516

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11 H

<400> 516

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Met Thr Ala Asp Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 517

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11 H

<400> 517

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaggc ctggggcctc agtgaaggtt 60

tcctgcaagg cttctggcta ttcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagccc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agccactatg actgctgacg catccaccag cacagtctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 518

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11 HCDR1

<400> 518

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 519

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11

HCDR2

<400> 519

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 520

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11

HCDR3

<400> 520

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 521

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11LH x I2C HL

<400> 521

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30
Gly Asp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Lys Pro Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Ser
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His
65 70 75 80
Ser Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

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

130 135 140

Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Pro Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Ala Thr Met Thr Ala Asp Ala Ser Thr Ser Thr Val Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

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

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 522

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 46-B11LH x I2C HL

<400> 522

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgcgt ctgtagggga aagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagatac caggaaagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctggagc aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaggcct 420

ggggcctcag tgaaggtttc ctgcaaggct tctggctatt cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagccccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag ccactatgac tgctgacgca 600

tccaccagca cagtctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 523

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 L

<400> 523

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

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

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

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 524

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 L

<400> 524

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagatac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcaga cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 525

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 LCDR1

<400> 525

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Asp Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 526

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 LCDR2

<400> 526

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 527

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 LCDR3

<400> 527

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 528

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 H

<400> 528

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Gly Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 529

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 H

<400> 529

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg catccaccag cacagtctac 240

atggaactca gcagcctggg atctgaggac actgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 530

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 HCDR1

<400> 530

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 531

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 HCDR2

<400> 531

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 532

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 HCDR3

<400> 532

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 533

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 LH x I2C HL

<400> 533

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

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

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

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Ala Ser Thr Ser Thr Val Tyr Met Glu
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Gly Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

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

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 534

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 47-A3 LH x I2C HL

<400> 534

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atagttattt gaactggtac 120

caacagatac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcaga cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt gaagaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgca 600

tccaccagca cagtctacat ggaactcagc agcctgggat ctgaggacac tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 535

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT L

<400> 535

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asp Thr Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 536

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT L

<400> 536

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atacttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 537

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT LCDR1

<400> 537

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Asp Thr Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 538

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT LCDR2

<400> 538

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 539

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT LCDR3

<400> 539

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 540

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT H

<400> 540

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 541

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT H

<400> 541

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 542

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT HCDR1

<400> 542

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 543

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT HCDR2

<400> 543

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 544

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT HCDR3

<400> 544

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 545

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT LH x I2C HL

<400> 545

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

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Asp Thr Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60

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

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

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

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 546
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-DT LH x I2C HL
<400> 546
gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60
atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg atacttattt gaactggtac 120
caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180
gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240
cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300
acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360
tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480
aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540
gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600
tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660
ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 547

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A L

<400> 547

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Ala Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 548

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A L

<400> 548

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg ctagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 549

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A LCDR1

<400> 549

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ala Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 550

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A LCDR2

<400> 550

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 551

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A LCDR3

<400> 551

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 552

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A H

<400> 552

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 553

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A H

<400> 553

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 554

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A HCDR1

<400> 554

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 555

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A HCDR2

<400> 555

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 556

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A HCDR3

<400> 556

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 557

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A LH x I2C HL

<400> 557

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

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Ala Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60

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

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

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

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 558

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-A LH x I2C HL

<400> 558

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg ctagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 559

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G L

<400> 559

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

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Gly Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60

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

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 560

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G L

<400> 560

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg gtagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 561

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G LCDR1

<400> 561

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Gly Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 562

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G LCDR2

<400> 562

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 563

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G LCDR3

<400> 563

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 564

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G H

<400> 564

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 565

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G H

<400> 565

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 566

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G HCDR1

<400> 566

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 567

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G HCDR2

<400> 567

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 568

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G HCDR3

<400> 568

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 569

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G LH x I2C HL

<400> 569

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30
Gly Gly Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

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

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 570

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-G LH x I2C HL

<400> 570

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg gtagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 571

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S L

<400> 571

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 572

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S L

<400> 572

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt ctagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 573

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S LCDR1

<400> 573

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ser Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 574

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S LCDR2

<400> 574

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 575

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S LCDR3

<400> 575

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 576

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S H

<400> 576

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 577

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S H

<400> 577

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 578

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S HCDR1

<400> 578

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 579

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S HCDR2

<400> 579

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 580

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S HCDR3

<400> 580

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 581

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S LH x I2C HL

<400> 581

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

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

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

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

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

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 582

<211> 1512

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-S LH x I2C HL

<400> 582

Gly Ala Thr Ala Thr Cys Cys Ala Gly Cys Thr Gly Ala Cys Cys Cys

1 5 10 15

Ala Gly Thr Cys Thr Cys Cys Ala Gly Cys Thr Thr Cys Thr Thr Thr

20 25 30

Gly Gly Cys Thr Gly Thr Gly Thr Cys Thr Cys Thr Ala Gly Gly Gly

35 40 45

Cys Ala Gly Ala Gly Gly Gly Cys Cys Ala Cys Cys Ala Thr Cys Thr

50 55 60

Cys Cys Thr Gly Cys Ala Ala Gly Gly Cys Cys Ala Gly Cys Cys Ala

65 70 75 80

Ala Ala Gly Thr Gly Thr Thr Gly Ala Thr Thr Ala Thr Gly Ala Thr

85 90 95

Gly Gly Thr Thr Cys Thr Ala Gly Thr Thr Ala Thr Thr Thr Gly Ala

100 105 110

Ala Cys Thr Gly Gly Thr Ala Cys Cys Ala Ala Cys Ala Gly Ala Thr

115 120 125

Thr Cys Cys Ala Gly Gly Ala Cys Ala Gly Cys Cys Ala Cys Cys Cys

130 135 140

Ala Ala Ala Cys Thr Cys Cys Thr Cys Ala Thr Cys Thr Ala Thr Gly

145 150 155 160

Ala Thr Gly Cys Ala Thr Cys Cys Ala Ala Thr Cys Thr Ala Gly Thr

165 170 175

Thr Thr Cys Thr Gly Gly Gly Ala Thr Cys Cys Cys Ala Cys Cys Cys

180 185 190

Ala Gly Gly Thr Thr Thr Ala Gly Thr Gly Gly Cys Ala Gly Thr Gly

195 200 205

Gly Gly Thr Cys Thr Gly Gly Gly Ala Cys Ala Gly Ala Cys Thr Thr

210 215 220

Cys Ala Cys Cys Cys Thr Cys Ala Ala Cys Ala Thr Cys Cys Ala Thr

225 230 235 240

Cys Cys Thr Gly Thr Gly Gly Ala Gly Ala Ala Gly Gly Thr Gly Gly

245 250 255

Ala Thr Gly Cys Thr Gly Cys Ala Ala Cys Cys Thr Ala Thr Cys Ala

260 265 270

Cys Thr Gly Thr Cys Ala Gly Cys Ala Ala Ala Gly Thr Ala Cys Thr

275 280 285

Gly Ala Gly Gly Ala Thr Cys Cys Gly Thr Gly Gly Ala Cys Gly Thr

290 295 300

Thr Cys Gly Gly Thr Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ala Cys Cys Ala Ala

305 310 315 320

Gly Cys Thr Cys Gly Ala Gly Ala Thr Cys Ala Ala Ala Gly Gly Thr

325 330 335

Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Thr Cys Thr Gly Gly Cys Gly

340 345 350

Gly Cys Gly Gly Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys Gly Gly Thr Gly Gly

355 360 365

Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Thr Cys Thr Cys Ala Gly Gly Thr Gly

370 375 380

Cys Ala Gly Cys Thr Gly Cys Ala Gly Cys Ala Gly Thr Cys Thr Gly

385 390 395 400

Gly Gly Gly Cys Thr Gly Ala Gly Cys Thr Gly Gly Thr Gly Ala Gly

405 410 415

Gly Cys Cys Thr Gly Gly Gly Thr Cys Cys Thr Cys Ala Gly Thr Gly

420 425 430

Ala Ala Gly Ala Thr Thr Thr Cys Cys Thr Gly Cys Ala Ala Gly Gly

435 440 445

Cys Thr Thr Cys Thr Gly Gly Cys Thr Ala Thr Gly Cys Ala Thr Thr

450 455 460

Cys Ala Gly Thr Ala Gly Cys Thr Ala Cys Thr Gly Gly Ala Thr Gly

465 470 475 480

Ala Ala Cys Thr Gly Gly Gly Thr Gly Ala Ala Gly Cys Ala Gly Ala

485 490 495

Gly Gly Cys Cys Thr Gly Gly Ala Cys Ala Gly Gly Gly Thr Cys Thr

500 505 510

Thr Gly Ala Gly Thr Gly Gly Ala Thr Thr Gly Gly Ala Cys Ala Gly

515 520 525

Ala Thr Thr Thr Gly Gly Cys Cys Thr Gly Gly Ala Gly Ala Thr Gly

530 535 540

Gly Thr Gly Ala Thr Ala Cys Thr Ala Ala Cys Thr Ala Cys Ala Ala

545 550 555 560

Thr Gly Gly Ala Ala Ala Gly Thr Thr Cys Ala Ala Gly Gly Gly Thr

565 570 575

Ala Ala Ala Gly Cys Cys Ala Cys Thr Cys Thr Gly Ala Cys Thr Gly

580 585 590

Cys Ala Gly Ala Cys Gly Ala Ala Thr Cys Cys Thr Cys Cys Ala Gly

595 600 605

Cys Ala Cys Ala Gly Cys Cys Thr Ala Cys Ala Thr Gly Cys Ala Ala

610 615 620

Cys Thr Cys Ala Gly Cys Ala Gly Cys Cys Thr Ala Gly Cys Ala Thr

625 630 635 640

Cys Thr Gly Ala Gly Gly Ala Cys Thr Cys Thr Gly Cys Gly Gly Thr

645 650 655

Cys Thr Ala Thr Thr Thr Cys Thr Gly Thr Gly Cys Ala Ala Gly Ala

660 665 670

Cys Gly Gly Gly Ala Gly Ala Cys Thr Ala Cys Gly Ala Cys Gly Gly

675 680 685

Thr Ala Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr Ala Thr Thr Ala Cys Thr Ala
690 695 700
Thr Gly Cys Thr Ala Thr Gly Gly Ala Cys Thr Ala Cys Thr Gly Gly
705 710 715 720
Gly Gly Cys Cys Ala Ala Gly Gly Gly Ala Cys Cys Ala Cys Gly Gly
725 730 735
Thr Cys Ala Cys Cys Gly Thr Cys Thr Cys Cys Thr Cys Cys Gly Gly

740 745 750
Ala Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Ala Thr Cys Cys Gly Ala Gly
755 760 765
Gly Thr Gly Cys Ala Gly Cys Thr Gly Gly Thr Cys Gly Ala Gly Thr
770 775 780
Cys Thr Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Thr Thr Gly Gly Thr
785 790 795 800
Gly Cys Ala Gly Cys Cys Thr Gly Gly Ala Gly Gly Gly Thr Cys Ala

805 810 815
Thr Thr Gly Ala Ala Ala Cys Thr Cys Thr Cys Ala Thr Gly Thr Gly
820 825 830
Cys Ala Gly Cys Cys Thr Cys Thr Gly Gly Ala Thr Thr Cys Ala Cys
835 840 845
Cys Thr Thr Cys Ala Ala Thr Ala Ala Gly Thr Ala Cys Gly Cys Cys
850 855 860
Ala Thr Gly Ala Ala Cys Thr Gly Gly Gly Thr Cys Cys Gly Cys Cys

865 870 875 880
Ala Gly Gly Cys Thr Cys Cys Ala Gly Gly Ala Ala Ala Gly Gly Gly
885 890 895
Thr Thr Thr Gly Gly Ala Ala Thr Gly Gly Gly Thr Thr Gly Cys Thr
900 905 910
Cys Gly Cys Ala Thr Ala Ala Gly Ala Ala Gly Thr Ala Ala Ala Thr
915 920 925
Ala Thr Ala Ala Thr Ala Ala Thr Thr Ala Thr Gly Cys Ala Ala Cys

930 935 940

Ala Thr Ala Thr Thr Ala Thr Gly Cys Cys Gly Ala Thr Thr Cys Ala

945 950 955 960

Gly Thr Gly Ala Ala Ala Gly Ala Cys Ala Gly Gly Thr Thr Cys Ala

965 970 975

Cys Cys Ala Thr Cys Thr Cys Cys Ala Gly Ala Gly Ala Thr Gly Ala

980 985 990

Thr Thr Cys Ala Ala Ala Ala Ala Ala Cys Ala Cys Thr Gly Cys Cys

995 1000 1005

Thr Ala Thr Cys Thr Ala Cys Ala Ala Ala Thr Gly Ala Ala Cys

1010 1015 1020

Ala Ala Cys Thr Thr Gly Ala Ala Ala Ala Cys Thr Gly Ala Gly

1025 1030 1035

Gly Ala Cys Ala Cys Thr Gly Cys Cys Gly Thr Gly Thr Ala Cys

1040 1045 1050

Thr Ala Cys Thr Gly Thr Gly Thr Gly Ala Gly Ala Cys Ala Thr

1055 1060 1065

Gly Gly Gly Ala Ala Cys Thr Thr Cys Gly Gly Thr Ala Ala Thr

1070 1075 1080

Ala Gly Cys Thr Ala Cys Ala Thr Ala Thr Cys Cys Thr Ala Cys

1085 1090 1095

Thr Gly Gly Gly Cys Thr Thr Ala Cys Thr Gly Gly Gly Gly Cys

1100 1105 1110

Cys Ala Ala Gly Gly Gly Ala Cys Thr Cys Thr Gly Gly Thr Cys

1115 1120 1125

Ala Cys Cys Gly Thr Cys Thr Cys Cys Thr Cys Ala Gly Gly Thr

1130 1135 1140

Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Thr Cys Thr Gly Gly Cys

1145 1150 1155

Gly Gly Cys Gly Gly Cys Gly Gly Cys Thr Cys Cys Gly Gly Thr

1160 1165 1170

Gly Gly Thr Gly Gly Thr Gly Gly Thr Thr Cys Thr Cys Ala Gly

1175 1180 1185

Ala Cys Thr Gly Thr Thr Gly Thr Gly Ala Cys Thr Cys Ala Gly

1190 1195 1200

Gly Ala Ala Cys Cys Thr Thr Cys Ala Cys Thr Cys Ala Cys Cys

1205 1210 1215

Gly Thr Ala Thr Cys Ala Cys Cys Thr Gly Gly Thr Gly Gly Ala

1220 1225 1230

Ala Cys Ala Gly Thr Cys Ala Cys Ala Cys Thr Cys Ala Cys Thr

1235 1240 1245

Thr Gly Thr Gly Gly Cys Thr Cys Cys Thr Cys Gly Ala Cys Thr

1250 1255 1260

Gly Gly Gly Gly Cys Thr Gly Thr Thr Ala Cys Ala Thr Cys Thr

1265 1270 1275

Gly Gly Cys Ala Ala Cys Thr Ala Cys Cys Cys Ala Ala Ala Cys

1280 1285 1290

Thr Gly Gly Gly Thr Cys Cys Ala Ala Cys Ala Ala Ala Ala Ala

1295 1300 1305

Cys Cys Ala Gly Gly Thr Cys Ala Gly Gly Cys Ala Cys Cys Cys

1310 1315 1320

Cys Gly Thr Gly Gly Thr Cys Thr Ala Ala Thr Ala Gly Gly Thr

1325 1330 1335

Gly Gly Gly Ala Cys Thr Ala Ala Gly Thr Thr Cys Cys Thr Cys

1340 1345 1350

Gly Cys Cys Cys Cys Cys Gly Gly Thr Ala Cys Thr Cys Cys Thr

1355 1360 1365

Gly Cys Cys Ala Gly Ala Thr Thr Cys Thr Cys Ala Gly Gly Cys

1370 1375 1380

Thr Cys Cys Cys Thr Gly Cys Thr Thr Gly Gly Ala Gly Gly Cys

1385 1390 1395

Ala Ala Gly Gly Cys Thr Gly Cys Cys Cys Thr Cys Ala Cys Cys

1400 1405 1410

Cys Thr Cys Thr Cys Ala Gly Gly Gly Gly Thr Ala Cys Ala Gly

1415 1420 1425

Cys Cys Ala Gly Ala Gly Gly Ala Thr Gly Ala Gly Gly Cys Ala

1430 1435 1440

Gly Ala Ala Thr Ala Thr Thr Ala Cys Thr Gly Thr Gly Thr Thr

1445 1450 1455

Cys Thr Ala Thr Gly Gly Thr Ala Cys Ala Gly Cys Ala Ala Cys

1460 1465 1470

Cys Gly Cys Thr Gly Gly Gly Thr Gly Thr Thr Cys Gly Gly Thr

1475 1480 1485

Gly Gly Ala Gly Gly Ala Ala Cys Cys Ala Ala Ala Cys Thr Gly

1490 1495 1500

Ala Cys Thr Gly Thr Cys Cys Thr Ala

1505 1510

<210> 583

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T L

<400> 583

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 584

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T L

<400> 584

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta caagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 585

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T LCDR1

<400> 585

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Thr Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 586

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T LCDR2

<400> 586

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 587

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T LCDR3

<400> 587

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 588

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T H

<400> 588

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 589

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T H

<400> 589

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 590

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T HCDR1

<400> 590

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 591

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T HCDR2

<400> 591

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 592

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T HCDR3

<400> 592

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 593
<211> 504
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-T LH x I2C HL
<400> 593
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 594

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-T LH x I2C HL

<400> 594

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta caagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 595

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I L

<400> 595

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Ile Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 596

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I L

<400> 596

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta tcagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 597

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I LCDR1

<400> 597

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ile Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 598

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I LCDR2

<400> 598

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 599

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I LCDR3

<400> 599

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 600

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I H

<400> 600

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 601

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I H

<400> 601

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 602

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I HCDR1

<400> 602

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 603

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I HCDR2

<400> 603

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 604

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I HCDR3

<400> 604

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 605

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I LH x I2C HL

<400> 605

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30
Gly Ile Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 606

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-I LH x I2C HL

<400> 606

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta tcagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 607

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L L

<400> 607

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Leu Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 608

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L L

<400> 608

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc tgagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 609

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L LCDR1

<400> 609

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Leu Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 610

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L LCDR2

<400> 610

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 611

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L LCDR3

<400> 611

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 612

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L H

<400> 612

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 613

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L H

<400> 613

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 614

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L HCDR1

<400> 614

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 615

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L HCDR2

<400> 615

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 616

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L HCDR3

<400> 616

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 617

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L LH x I2C HL

<400> 617

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Leu Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 618

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-L LH x I2C HL

<400> 618

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc tgagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 619

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V L

<400> 619

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Val Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 620

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V L

<400> 620

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg tcagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 621

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V LCDR1

<400> 621

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Val Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 622

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V LCDR2

<400> 622

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 623

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V LCDR3

<400> 623

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 624

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V H

<400> 624

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 625

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V H

<400> 625

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 626

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V HCDR1

<400> 626

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 627

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V HCDR2

<400> 627

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 628

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V HCDR3

<400> 628

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 629

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V LH x I2C HL

<400> 629

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Val Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300
Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 630
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-V LH x I2C HL

<400> 630

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg tcagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 631

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E L

<400> 631

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Glu Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 632

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E L

<400> 632

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg agagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 633

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E LCDR1

<400> 633

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Glu Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 634

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E LCDR2

<400> 634

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 635

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E LCDR3

<400> 635

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 636

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E H

<400> 636

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 637
<211> 372
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-E H
<400> 637
caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120
cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180
aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240
atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300
actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360
accgtctcct cc 372

<210> 638
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E HCDR1
<400> 638
Ser Tyr Trp Met Asn
1 5

<210> 639

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E HCDR2

<400> 639

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 640

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E HCDR3

<400> 640

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 641

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E LH x I2C HL

<400> 641

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Glu Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 642

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-E LH x I2C HL

<400> 642

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtg agagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 643

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q L

<400> 643

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Gln Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 644

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q L

<400> 644

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc agagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 645

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q LCDR1

<400> 645

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Gln Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 646

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q LCDR2

<400> 646

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 647

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q LCDR3

<400> 647

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 648

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q H

<400> 648

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 649

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q H

<400> 649

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 650

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q HCDR1

<400> 650

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 651

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q HCDR2

<400> 651

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 652

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q HCDR3

<400> 652

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 653

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Q LH x I2C HL

<400> 653

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Gln Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 654
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-Q LH x I2C HL
<400> 654
gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60
atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc agagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180
gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240
cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300
acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360
tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420
gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 655

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N L

<400> 655

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Asn Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 656

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N L

<400> 656

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta acagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 657

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N LCDR1

<400> 657

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Asn Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 658

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N LCDR2

<400> 658

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 659

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N LCDR3

<400> 659

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 660

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N H

<400> 660

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 661

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N H

<400> 661

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 662

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N HCDR1

<400> 662

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 663

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N HCDR2

<400> 663

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 664

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N HCDR3

<400> 664

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 665

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N LH x I2C HL

<400> 665

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Asn Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 666

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-N LH x I2C HL

<400> 666

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta acagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 667

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K L

<400> 667

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Lys Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 668

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K L

<400> 668

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta agagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 669

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K LCDR1

<400> 669

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Lys Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 670

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K LCDR2

<400> 670

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 671

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K LCDR3

<400> 671

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 672

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K H

<400> 672

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 673

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K H

<400> 673

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 674

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K HCDR1

<400> 674

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 675

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K HCDR2

<400> 675

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 676

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K HCDR3

<400> 676

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 677

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K LH x I2C HL

<400> 677

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Lys Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 678

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-K LH x I2C HL

<400> 678

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta agagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 679

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R L

<400> 679

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Arg Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 680

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R L

<400> 680

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc gtagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 681

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R LCDR1

<400> 681

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Arg Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 682

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R LCDR2

<400> 682

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 683

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R LCDR3

<400> 683

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 684

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R H

<400> 684

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 685

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R H

<400> 685

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 686

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R HCDR1

<400> 686

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 687

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R HCDR2

<400> 687

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 688

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R HCDR3

<400> 688

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 689

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R LH x I2C HL

<400> 689

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Arg Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 690

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-R LH x I2C HL

<400> 690

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc gtagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 691

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H L

<400> 691

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly His Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 692

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H L

<400> 692

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc acagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 693

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H LCDR1

<400> 693

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly His Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 694

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H LCDR2

<400> 694

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 695

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H LCDR3

<400> 695

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 696

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H H

<400> 696

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 697

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H H

<400> 697

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 698

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H HCDR1

<400> 698

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 699

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H HCDR2

<400> 699

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 700

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H HCDR3

<400> 700

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 701

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H LH x I2C HL

<400> 701

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly His Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 702

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-H LH x I2C HL

<400> 702

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc acagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 703

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y L

<400> 703

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30
Gly Tyr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 704

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y L

<400> 704

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt acagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 705

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y LCDR1

<400> 705

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Tyr Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 706

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y LCDR2

<400> 706

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 707

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y LCDR3

<400> 707

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 708

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y H

<400> 708

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr
20 25 30
Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 709

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y H

<400> 709

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 710

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y HCDR1

<400> 710

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 711

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y HCDR2

<400> 711

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 712

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y HCDR3

<400> 712

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 713

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y LH x I2C HL

<400> 713

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Tyr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 714
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-Y LH x I2C HL

<400> 714

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt acagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 715

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P L

<400> 715

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Pro Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 716

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P L

<400> 716

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc caagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 717

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P LCDR1

<400> 717

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Pro Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 718

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P LCDR2

<400> 718

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 719

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P LCDR3

<400> 719

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 720

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P H

<400> 720

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 721
<211> 372
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-P H
<400> 721
caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60
tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120
cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180
aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240
atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360
accgtctcct cc 372

<210> 722
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-P HCDR1
<400> 722
Ser Tyr Trp Met Asn
1 5

<210> 723
<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P HCDR2

<400> 723

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 724

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P HCDR3

<400> 724

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 725

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P LH x I2C HL

<400> 725

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Pro Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 726

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-P LH x I2C HL

<400> 726

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc caagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 727

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F L

<400> 727

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Phe Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 728

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F L

<400> 728

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt tcagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 729

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F LCDR1

<400> 729

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Phe Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 730

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F LCDR2

<400> 730

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 731

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F LCDR3

<400> 731

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 732

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F H

<400> 732

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 733

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F H

<400> 733

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 734

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F HCDR1

<400> 734

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 735

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-F HCDR2

<400> 735

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 736
<211> 15
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-F HCDR3
<400> 736
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 737
<211> 504
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-F LH x I2C HL
<400> 737
Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Phe Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 738
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-F LH x I2C HL
<400> 738
gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60
atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt tcagttattt gaactggtac 120
caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180
gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240
cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 739

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W L

<400> 739

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Trp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 740

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W L

<400> 740

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt ggagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 741

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W LCDR1

<400> 741

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Trp Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 742

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W LCDR2

<400> 742

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 743

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W LCDR3

<400> 743

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 744

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W H

<400> 744

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 745

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W H

<400> 745

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 746

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W HCDR1

<400> 746

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 747

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W HCDR2

<400> 747

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 748

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W HCDR3

<400> 748

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 749

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W LH x I2C HL

<400> 749

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Trp Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 750

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-W LH x I2C HL

<400> 750

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt ggagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420

gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480

aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600

tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660

ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 751

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M L

<400> 751

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Met Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His

65 70 75 80

Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 752

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M L

<400> 752

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60

atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta tgagttattt gaactggtac 120

caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaa 333

<210> 753

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M LCDR1

<400> 753

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Met Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 754

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M LCDR2

<400> 754

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 755

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M LCDR3

<400> 755

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 756

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M H

<400> 756

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 757

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M H

<400> 757

caggtgcagc tgcagcagtc tggggctgag ctggtgaggc ctgggtcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcagt agctactgga tgaactgggt gaagcagagg 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtaa agccactctg actgcagacg aatcctccag cacagcctac 240

atgcaactca gcagcctagc atctgaggac tctgcggtct atttctgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 758

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M HCDR1

<400> 758

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 759

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M HCDR2

<400> 759

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 760

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M HCDR3

<400> 760

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 761

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HD37-M LH x I2C HL

<400> 761

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Met Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Ile Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Lys Val Asp Ala Ala Thr Tyr His Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190

Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Glu Ser Ser Ser Thr Ala Tyr Met Gln
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 762
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HD37-M LH x I2C HL
<400> 762

gatatccagc tgacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagggccacc 60
atctcctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta tgagttattt gaactggtac 120
caacagattc caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180
gggatcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240
cctgtggaga aggtggatgc tgcaacctat cactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtg gagggaccaa gctcgagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360
tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg cagcagtctg gggctgagct ggtgaggcct 420
gggtcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcagtag ctactggatg 480
aactgggtga agcagaggcc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540
gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtaaag ccactctgac tgcagacgaa 600
tcctccagca cagcctacat gcaactcagc agcctagcat ctgaggactc tgcggtctat 660
ttctgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780
gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 763

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VH-aXho1

<400> 763

cagctgctcg agtctggggc tgagstgrwg argcctgggk cctcagtgaa grtttcctgc 60

aaggcttctg gc 72

<210> 764

<211> 81

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VH-b

<400> 764

ccactcaaga ccctgtccag ggssctgcyt cacccagttc atccagtagc tagwgaatgy 60

atagccagaa gccttgcagg a 81

<210> 765

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VH-c

<400> 765

ggacagggtc ttgagtggat kggacagatt tggcctggag atggtgatac taactacaat 60

ggaaagttca ag 72

<210> 766

<211> 82

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VH-d

<400> 766

caggctgctg agttscatgt agrctgtgct ggtggatkyg tcassagtca kagtgrctyt 60

acccttgaac tttccattgt ag 82

<210> 767

<211> 71

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VH-e

<400> 767

catgsaactc agcagcctgs satctgagga cactgcggtc tattwctgtg caagacggga 60

gactacgacg g 71

<210> 768

<211> 81

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VH-fBstE2

<400> 768

ggagacggtg accgtggtcc cttggcccca gtagtccata gcatagtaat aacggcctac 60

cgtcgtagtc tcccgtcttg c 81

<210> 769

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VL-A-SacI

<400> 769

cagctggagc tccagatgac ccagtctcca kcttctttgk ctgygtctst agggsasaga 60

gycaccatcw cctgcaaggc cagc 84

<210> 770

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VL-B

<220><221> misc_feature

<222> (26)..(27)

<223> n is a, c, g, or t

<400> 770

ctgttggtac cagttcaaat aastsnnacc atcataatca acactttggc tggccttgca 60

ggtgatggt 69

<210> 771

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VL-C

<400> 771

ttgaactggt accaacagaw accaggamag scacccaaac tcctcatcta tgatgcatcc 60

aatctagttt ct 72

<210> 772

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VL-D

<400> 772

gagggtgaag tctgtcccag acccactgcc actaaacctg grtgggaycc cagaaactag 60

attggatgc 69

<210> 773

<211> 78

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VL-E

<400> 773

gggacagact tcaccctcam catcmrtyct stgsagmmgg wggatkycgc aacctatyac 60

tgtcagcaaa gtactgag 78

<210> 774

<211> 79

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 37VL-F-BsiW1Spe1

<400> 774

actcagacta gtcgtacgtt tgatctccac cttggtccct tgaccgaacg tccacggatc 60

ctcagtactt tgctgacag 79

<210> 775

<

211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Flag-tag

<400> 775

Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys

1 5

<210> 776

<211> 4173

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> human cMET construct

<400> 776

atgaaggccc ccgctgtgct tgcacctggc atcctcgtgc tcctgtttac cttggtgcag 60

aggagcaatg gggagtgtaa agaggcacta gcaaagtccg agatgaatgt gaatatgaag 120

tatcagcttc ccaacttcac cgcggaaaca cccatccaga atgtcattct acatgagcat 180

cacattttcc ttggtgccac taactacatt tatgttttaa atgaggaaga ccttcagaag 240

gttgctgagt acaagactgg gcctgtgctg gaacacccag attgtttccc atgtcaggac 300

tgcagcagca aagccaattt atcaggaggt gtttggaaag ataacatcaa catggctcta 360

gttgtggaca cctactatga tgatcaactc attagctgtg gcagcgtcaa cagagggacc 420

tgccagcgac atgtctttcc ccacaatcat actgctgaca tacagtcgga ggttcactgc 480

atattctccc cacagataga agagcccagc cagtgtcctg actgtgtggt gagcgccctg 540

ggagccaaag tcctttcatc tgtaaaggac cggttcatca acttctttgt aggcaatacc 600

ataaattctt cttatttccc agatcatcca ttgcattcga tatcagtgag aaggctaaag 660

gaaacgaaag atggttttat gtttttgacg gaccagtcct acattgatgt tttacctgag 720

ttcagagatt cttaccccat taagtatgtc catgcctttg aaagcaacaa ttttatttac 780

ttcttgacgg tccaaaggga aactctagat gctcagactt ttcacacaag aataatcagg 840

ttctgttcca taaactctgg attgcattcc tacatggaaa tgcctctgga gtgtattctc 900

acagaaaaga gaaaaaagag atccacaaag aaggaagtgt ttaatatact tcaggctgcg 960

tatgtcagca agcctggggc ccagcttgct agacaaatag gagccagcct gaatgatgac 1020

attcttttcg gggtgttcgc acaaagcaag ccagattctg ccgaaccaat ggatcgatct 1080

gccatgtgtg cattccctat caaatatgtc aacgacttct tcaacaagat cgtcaacaaa 1140

aacaatgtga gatgtctcca gcatttttac ggacccaatc atgagcactg ctttaatagg 1200

acacttctga gaaattcatc aggctgtgaa gcgcgccgtg atgaatatcg aacagagttt 1260

accacagctt tgcagcgcgt tgacttattc atgggtcaat tcagcgaagt cctcttaaca 1320

tctatatcca ccttcattaa aggagacctc accatagcta atcttgggac atcagagggt 1380

cgcttcatgc aggttgtggt ttctcgatca ggaccatcaa cccctcatgt gaattttctc 1440

ctggactccc atccagtgtc tccagaagtg attgtggagc atacattaaa ccaaaatggc 1500

tacacactgg ttatcactgg gaagaagatc acgaagatcc cattgaatgg cttgggctgc 1560

agacatttcc agtcctgcag tcaatgcctc tctgccccac cctttgttca gtgtggctgg 1620

tgccacgaca aatgtgtgcg atcggaggaa tgcctgagcg ggacatggac tcaacagatc 1680

tgtctgcctg caatctacaa ggttttccca aatagtgcac cccttgaagg agggacaagg 1740

ctgaccatat gtggctggga ctttggattt cggaggaata ataaatttga tttaaagaaa 1800

actagagttc tccttggaaa tgagagctgc accttgactt taagtgagag cacgatgaat 1860

acattgaaat gcacagttgg tcctgccatg aataagcatt tcaatatgtc cataattatt 1920

tcaaatggcc acgggacaac acaatacagt acattctcct atgtggatcc tgtaataaca 1980

agtatttcgc cgaaatacgg tcctatggct ggtggcactt tacttacttt aactggaaat 2040

tacctaaaca gtgggaatag cagacacatt tcaattggtg gaaaaacatg tactttaaaa 2100

agtgtgtcaa acagtattct tgaatgttat accccagccc aaaccatttc aactgagttt 2160

gctgttaaat tgaaaattga cttagccaac cgagagacaa gcatcttcag ttaccgtgaa 2220

gatcccattg tctatgaaat tcatccaacc aaatctttta ttagtggtgg gagcacaata 2280

acaggtgttg ggaaaaacct gaactcagtt agtgtcccga gaatggtcat aaatgtgcat 2340

gaagcaggaa ggaactttac agtggcatgt caacatcgct ctaattcaga gataatctgt 2400

tgtaccactc cttccctgca acagctgaat ctgcaactcc ccctgaaaac caaagccttt 2460

ttcatgttag atgggatcct ttccaaatac tttgatctca tttatgtaca taatcctgtg 2520

tttaagcctt ttgaaaagcc agtgatgatc tcaatgggca atgaaaatgt actggaaatt 2580

aagggaaatg atattgaccc tgaagcagtt aaaggtgaag tgttaaaagt tggaaataag 2640

agctgtgaga atatacactt acattctgaa gccgttttat gcacggtccc caatgacctg 2700

ctgaaattga acagcgagct aaatatagag tggaagcaag caatttcttc aaccgtcctt 2760

ggaaaagtaa tagttcaacc agatcagaat ttcacaggat tgattgctgg tgttgtctca 2820

atatcaacag cactgttatt actacttggg tttttcctgt ggctgaaaaa gagaaagcaa 2880

attaaagatc tgggcagtga attagttcgc tacgatgcaa gagtacacac tcctcatttg 2940

gataggcttg taagtgcccg aagtgtaagc ccaactacag aaatggtttc aaatgaatct 3000

gtagactacc gagctacttt tccagaagat cagtttccta attcatctca gaacggttca 3060

tgccgacaag tgcagtatcc tctgacagac atgtccccca tcctaactag tggggactct 3120

gatatatcca gtccattact gcaaaatact gtccacattg acctcagtgc tctaaatcca 3180

gagctggtcc aggcagtgca gcatgtagtg attgggccca gtagcctgat tgtgcatttc 3240

aatgaagtca taggaagagg gcattttggt tgtgtatatc atgggacttt gttggacaat 3300

gatggcaaga aaattcactg tgctgtgaaa tccttgaaca gaatcactga cataggagaa 3360

gtttcccaat ttctgaccga gggaatcatc atgaaagatt ttagtcatcc caatgtcctc 3420

tcgctcctgg gaatctgcct gcgaagtgaa gggtctccgc tggtggtcct accatacatg 3480

aaacatggag atcttcgaaa tttcattcga aatgagactc ataatccaac tgtaaaagat 3540

cttattggct ttggtcttca agtagccaaa ggcatgaaat atcttgcaag caaaaagttt 3600

gtccacagag acttggctgc aagaaactgt atgctggatg aaaaattcac agtcaaggtt 3660

gctgattttg gtcttgccag agacatgtat gataaagaat actatagtgt acacaacaaa 3720

acaggtgcaa agctgccagt gaagtggatg gctttggaaa gtctgcaaac tcaaaagttt 3780

accaccaagt cagatgtgtg gtcctttggc gtgctcctct gggagctgat gacaagagga 3840

gccccacctt atcctgacgt aaacaccttt gatataactg tttacttgtt gcaagggaga 3900

agactcctac aacccgaata ctgcccagac cccttatatg aagtaatgct aaaatgctgg 3960

caccctaaag ccgaaatgcg cccatccttt tctgaactgg tgtcccggat atcagcgatc 4020

ttctctactt tcattgggga gcactatgtc catgtgaacg ctacttatgt gaacgtaaaa 4080

tgtgtcgctc cgtatccttc tctgttgtca tcagaagata acgctgatga tgaggtggac 4140

acacgaccag cctccttctg ggagacatca tag 4173

<210> 777

<211> 1390

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human cMET construct

<400> 777

Met Lys Ala Pro Ala Val Leu Ala Pro Gly Ile Leu Val Leu Leu Phe
1 5 10 15

Thr Leu Val Gln Arg Ser Asn Gly Glu Cys Lys Glu Ala Leu Ala Lys
20 25 30

Ser Glu Met Asn Val Asn Met Lys Tyr Gln Leu Pro Asn Phe Thr Ala
35 40 45

Glu Thr Pro Ile Gln Asn Val Ile Leu His Glu His His Ile Phe Leu
50 55 60

Gly Ala Thr Asn Tyr Ile Tyr Val Leu Asn Glu Glu Asp Leu Gln Lys
65 70 75 80

Val Ala Glu Tyr Lys Thr Gly Pro Val Leu Glu His Pro Asp Cys Phe
85 90 95

Pro Cys Gln Asp Cys Ser Ser Lys Ala Asn Leu Ser Gly Gly Val Trp
100 105 110

Lys Asp Asn Ile Asn Met Ala Leu Val Val Asp Thr Tyr Tyr Asp Asp
115 120 125

Gln Leu Ile Ser Cys Gly Ser Val Asn Arg Gly Thr Cys Gln Arg His
130 135 140

Val Phe Pro His Asn His Thr Ala Asp Ile Gln Ser Glu Val His Cys
145 150 155 160

Ile Phe Ser Pro Gln Ile Glu Glu Pro Ser Gln Cys Pro Asp Cys Val

165 170 175

Val Ser Ala Leu Gly Ala Lys Val Leu Ser Ser Val Lys Asp Arg Phe

180 185 190

Ile Asn Phe Phe Val Gly Asn Thr Ile Asn Ser Ser Tyr Phe Pro Asp

195 200 205

His Pro Leu His Ser Ile Ser Val Arg Arg Leu Lys Glu Thr Lys Asp

210 215 220

Gly Phe Met Phe Leu Thr Asp Gln Ser Tyr Ile Asp Val Leu Pro Glu

225 230 235 240

Phe Arg Asp Ser Tyr Pro Ile Lys Tyr Val His Ala Phe Glu Ser Asn

245 250 255

Asn Phe Ile Tyr Phe Leu Thr Val Gln Arg Glu Thr Leu Asp Ala Gln

260 265 270

Thr Phe His Thr Arg Ile Ile Arg Phe Cys Ser Ile Asn Ser Gly Leu

275 280 285

His Ser Tyr Met Glu Met Pro Leu Glu Cys Ile Leu Thr Glu Lys Arg

290 295 300

Lys Lys Arg Ser Thr Lys Lys Glu Val Phe Asn Ile Leu Gln Ala Ala

305 310 315 320

Tyr Val Ser Lys Pro Gly Ala Gln Leu Ala Arg Gln Ile Gly Ala Ser

325 330 335

Leu Asn Asp Asp Ile Leu Phe Gly Val Phe Ala Gln Ser Lys Pro Asp

340 345 350

Ser Ala Glu Pro Met Asp Arg Ser Ala Met Cys Ala Phe Pro Ile Lys

355 360 365

Tyr Val Asn Asp Phe Phe Asn Lys Ile Val Asn Lys Asn Asn Val Arg

370 375 380

Cys Leu Gln His Phe Tyr Gly Pro Asn His Glu His Cys Phe Asn Arg

385 390 395 400

Thr Leu Leu Arg Asn Ser Ser Gly Cys Glu Ala Arg Arg Asp Glu Tyr

405 410 415

Arg Thr Glu Phe Thr Thr Ala Leu Gln Arg Val Asp Leu Phe Met Gly
420 425 430
Gln Phe Ser Glu Val Leu Leu Thr Ser Ile Ser Thr Phe Ile Lys Gly
435 440 445
Asp Leu Thr Ile Ala Asn Leu Gly Thr Ser Glu Gly Arg Phe Met Gln
450 455 460
Val Val Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Thr Pro His Val Asn Phe Leu

465 470 475 480
Leu Asp Ser His Pro Val Ser Pro Glu Val Ile Val Glu His Thr Leu
485 490 495
Asn Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Val Ile Thr Gly Lys Lys Ile Thr Lys
500 505 510
Ile Pro Leu Asn Gly Leu Gly Cys Arg His Phe Gln Ser Cys Ser Gln
515 520 525
Cys Leu Ser Ala Pro Pro Phe Val Gln Cys Gly Trp Cys His Asp Lys

530 535 540
Cys Val Arg Ser Glu Glu Cys Leu Ser Gly Thr Trp Thr Gln Gln Ile
545 550 555 560
Cys Leu Pro Ala Ile Tyr Lys Val Phe Pro Asn Ser Ala Pro Leu Glu
565 570 575
Gly Gly Thr Arg Leu Thr Ile Cys Gly Trp Asp Phe Gly Phe Arg Arg
580 585 590
Asn Asn Lys Phe Asp Leu Lys Lys Thr Arg Val Leu Leu Gly Asn Glu

595 600 605
Ser Cys Thr Leu Thr Leu Ser Glu Ser Thr Met Asn Thr Leu Lys Cys
610 615 620
Thr Val Gly Pro Ala Met Asn Lys His Phe Asn Met Ser Ile Ile Ile
625 630 635 640
Ser Asn Gly His Gly Thr Thr Gln Tyr Ser Thr Phe Ser Tyr Val Asp
645 650 655
Pro Val Ile Thr Ser Ile Ser Pro Lys Tyr Gly Pro Met Ala Gly Gly

660 665 670

Thr Leu Leu Thr Leu Thr Gly Asn Tyr Leu Asn Ser Gly Asn Ser Arg

675 680 685

His Ile Ser Ile Gly Gly Lys Thr Cys Thr Leu Lys Ser Val Ser Asn

690 695 700

Ser Ile Leu Glu Cys Tyr Thr Pro Ala Gln Thr Ile Ser Thr Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Lys Leu Lys Ile Asp Leu Ala Asn Arg Glu Thr Ser Ile Phe

725 730 735

Ser Tyr Arg Glu Asp Pro Ile Val Tyr Glu Ile His Pro Thr Lys Ser

740 745 750

Phe Ile Ser Gly Gly Ser Thr Ile Thr Gly Val Gly Lys Asn Leu Asn

755 760 765

Ser Val Ser Val Pro Arg Met Val Ile Asn Val His Glu Ala Gly Arg

770 775 780

Asn Phe Thr Val Ala Cys Gln His Arg Ser Asn Ser Glu Ile Ile Cys

785 790 795 800

Cys Thr Thr Pro Ser Leu Gln Gln Leu Asn Leu Gln Leu Pro Leu Lys

805 810 815

Thr Lys Ala Phe Phe Met Leu Asp Gly Ile Leu Ser Lys Tyr Phe Asp

820 825 830

Leu Ile Tyr Val His Asn Pro Val Phe Lys Pro Phe Glu Lys Pro Val

835 840 845

Met Ile Ser Met Gly Asn Glu Asn Val Leu Glu Ile Lys Gly Asn Asp

850 855 860

Ile Asp Pro Glu Ala Val Lys Gly Glu Val Leu Lys Val Gly Asn Lys

865 870 875 880

Ser Cys Glu Asn Ile His Leu His Ser Glu Ala Val Leu Cys Thr Val

885 890 895

Pro Asn Asp Leu Leu Lys Leu Asn Ser Glu Leu Asn Ile Glu Trp Lys

900 905 910

Gln Ala Ile Ser Ser Thr Val Leu Gly Lys Val Ile Val Gln Pro Asp

915 920 925

Gln Asn Phe Thr Gly Leu Ile Ala Gly Val Val Ser Ile Ser Thr Ala

930 935 940

Leu Leu Leu Leu Leu Gly Phe Phe Leu Trp Leu Lys Lys Arg Lys Gln

945 950 955 960

Ile Lys Asp Leu Gly Ser Glu Leu Val Arg Tyr Asp Ala Arg Val His

965 970 975

Thr Pro His Leu Asp Arg Leu Val Ser Ala Arg Ser Val Ser Pro Thr

980 985 990

Thr Glu Met Val Ser Asn Glu Ser Val Asp Tyr Arg Ala Thr Phe Pro

995 1000 1005

Glu Asp Gln Phe Pro Asn Ser Ser Gln Asn Gly Ser Cys Arg Gln

1010 1015 1020

Val Gln Tyr Pro Leu Thr Asp Met Ser Pro Ile Leu Thr Ser Gly

1025 1030 1035

Asp Ser Asp Ile Ser Ser Pro Leu Leu Gln Asn Thr Val His Ile

1040 1045 1050

Asp Leu Ser Ala Leu Asn Pro Glu Leu Val Gln Ala Val Gln His

1055 1060 1065

Val Val Ile Gly Pro Ser Ser Leu Ile Val His Phe Asn Glu Val

1070 1075 1080

Ile Gly Arg Gly His Phe Gly Cys Val Tyr His Gly Thr Leu Leu

1085 1090 1095

Asp Asn Asp Gly Lys Lys Ile His Cys Ala Val Lys Ser Leu Asn

1100 1105 1110

Arg Ile Thr Asp Ile Gly Glu Val Ser Gln Phe Leu Thr Glu Gly

1115 1120 1125

Ile Ile Met Lys Asp Phe Ser His Pro Asn Val Leu Ser Leu Leu

1130 1135 1140

Gly Ile Cys Leu Arg Ser Glu Gly Ser Pro Leu Val Val Leu Pro

1145 1150 1155

Tyr Met Lys His Gly Asp Leu Arg Asn Phe Ile Arg Asn Glu Thr

1160 1165 1170

His Asn Pro Thr Val Lys Asp Leu Ile Gly Phe Gly Leu Gln Val

1175 1180 1185

Ala Lys Gly Met Lys Tyr Leu Ala Ser Lys Lys Phe Val His Arg

1190 1195 1200

Asp Leu Ala Ala Arg Asn Cys Met Leu Asp Glu Lys Phe Thr Val

1205 1210 1215

Lys Val Ala Asp Phe Gly Leu Ala Arg Asp Met Tyr Asp Lys Glu

1220 1225 1230

Tyr Tyr Ser Val His Asn Lys Thr Gly Ala Lys Leu Pro Val Lys

1235 1240 1245

Trp Met Ala Leu Glu Ser Leu Gln Thr Gln Lys Phe Thr Thr Lys

1250 1255 1260

Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Leu Leu Trp Glu Leu Met Thr

1265 1270 1275

Arg Gly Ala Pro Pro Tyr Pro Asp Val Asn Thr Phe Asp Ile Thr

1280 1285 1290

Val Tyr Leu Leu Gln Gly Arg Arg Leu Leu Gln Pro Glu Tyr Cys

1295 1300 1305

Pro Asp Pro Leu Tyr Glu Val Met Leu Lys Cys Trp His Pro Lys

1310 1315 1320

Ala Glu Met Arg Pro Ser Phe Ser Glu Leu Val Ser Arg Ile Ser

1325 1330 1335

Ala Ile Phe Ser Thr Phe Ile Gly Glu His Tyr Val His Val Asn

1340 1345 1350

Ala Thr Tyr Val Asn Val Lys Cys Val Ala Pro Tyr Pro Ser Leu

1355 1360 1365

Leu Ser Ser Glu Asp Asn Ala Asp Asp Glu Val Asp Thr Arg Pro

1370 1375 1380

Ala Ser Phe Trp Glu Thr Ser

1385 1390

<210> 778

<211> 37

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 778

aggaattcac catgaaggcc cccgctgtgc ttgcacc 37

<210> 779

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 779

ctccagaggc atttccatgt agg 23

<210> 780

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 780

gtccaaaggg aaactctaga tgc 23

<210> 781

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 781

ggagacactg gatgggagtc cagg 24

<210> 782

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 782

catcagaggg tcgcttcatg cagg 24

<210> 783

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 783

gctttggttt tcaggggggag ttgc 24

<210> 784

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 784

atccaaccaa atcttttatt agtggtgg 28

<210> 785

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 785

gacttcattg aaatgcacaa tcagg 25

<210> 786

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 786

tgctctaaat ccagagctgg tcc 23

<210> 787

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 787

gtcagataag aaattcctta gaatcc 26

<210> 788

<211> 4146

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> macaque cMET construct

<400> 788

atgaaggccc ccgctgtgct tgcacctggc atcctcgtgc tcctgtttac cttggtgcag 60

aggagcaatg gggagtgtaa agaggcacta gcaaagtccg agatgaatgt gaatatgaag 120

tatcagcttc ccaacttcac cgcggaaaca gccatccaga atgtcattct acatgagcat 180

cacattttcc tcggtgccac caactacatt tatgttttaa atgaggaaga ccttcagaag 240

gttgctgagt acaagaccgg gcctgtgctg gaacacccag attgtttccc gtgtcaggac 300

tgcagcagca aagccaattt atcaggaggc gtttggaaag ataacatcaa catggctctg 360

gttgtggaca cctactatga tgatcaactc attagctgtg gcagcgtcaa cagagggacc 420

tgccagcgac atgtctttcc ccataatcat actgctgaca tacagtcgga ggttcactgc 480

atattctccc cacagataga agagcccaac cagtgccctg actgtgtggt gagcgccctg 540

ggagccaaag tcctttcatc tgtaaaggac cggttcatca acttctttgt aggcaatacc 600

ataaattctt cttatttccc acatcatccg ttgcattcga tatcagtgag aaggctaaag 660

gaaacgaaag atggttttat gtttttgaca gaccagtcct acattgatgt tttacctgag 720

ttcagagatt cttaccccat taagtacatc cacgcttttg aaagcaacaa ttttatttac 780

ttcttgacgg tccaaaggga aactctaaat gctcagactt ttcacacaag aataatcagg 840

ttctgttcct taaactctgg attgcactcc tacatggaaa tgcctctaga gtgtattctc 900

acagaaaaga gaaaaaagag atccacaaag aaggaagtgt ttaatatcct tcaggctgca 960

tatgtcagca agcccggggc ccagcttgct agacaaatag gagccagcct gaatgatgac 1020

attctctttg gggtgttcgc acaaagcaag ccagattctg ccgaaccaat ggatcgatct 1080

gcaatgtgtg catttcctat caaatatgtc aacgacttct tcaacaagat cgtcaacaaa 1140

aacaatgtga gatgtctcca gcatttttat ggacccaatc atgagcactg ttttaatagg 1200

acacttctga gaaattcatc aggctgtgaa gcgcgccgtg atgaatatcg agcagagttt 1260

accacagctt tgcagcgggt tgacttattc atgggtcaat tcagcgaagt cctcttaaca 1320

tctatatcca ccttcgtgaa aggagacctc accatcgcta atcttgggac atcagagggt 1380

cgcttcatgc aggttgtggt ttctcgatca ggaccatcaa cccctcatgt gaattttctc 1440

ctggactctc acccggtgtc tccagaagtg attgtggagc atccattaaa ccagaatggc 1500

tacacactgg ttgtcacggg gaagaagatc accaagatcc cattgaatgg cttgggctgc 1560

agacatttcc agtcctgcag tcagtgcctc tctgccccac cctttgtgca gtgtggctgg 1620

tgccacgaca aatgtgtgcg atcggaggaa tgccccagtg ggacatggac tcaacagatc 1680

tgtctgcctg caatctacaa ggttttccca actagtgcac cccttgaagg agggacaagg 1740

ctgaccatat gtggctggga ctttggattt cggaggaata ataaatttga tttaaagaaa 1800

actagagttc tccttggaaa tgagagctgc accttgactt taagtgagag cacgatgaat 1860

acattgaaat gcacagttgg tcctgccatg aataaacatt tcaatatgtc cataattatt 1920

tcaaatggcc acgggacaac acaatacagt acattttcct atgtggatcc tataataaca 1980

agtatttcgc caaaatatgg ccctatggct ggtggcactt tacttacttt aactggaaat 2040

tacctaaaca gtggcaattc tagacacatt tcaattggtg gaaaaacatg tactttaaaa 2100

agtgtgtcaa acagtattct cgaatgttat accccagccc aaaccatttc aactgagttt 2160

gctgttaaat tgaaaattga cttagccaac cgagagacaa gcatcttcag ttaccgggaa 2220

gaccccattg tctatgaaat tcatccaacc aaatctttta ttagtggtgg gagcacaata 2280

acaggtgttg ggaaaaacct gcattcagtt agtgtcccga ggatggtcat aaatgtgcat 2340

gaagcaggaa ggaactttac agtggcatgt cagcatcgct ctaattcaga gataatctgc 2400

tgtaccactc cttccctgca acagctgaat ctgcaactcc ccctgaaaac caaagccttt 2460

ttcatgttag atgggatcct ttccaaatac tttgatctca tttatgtaca taatcctgtg 2520

tttaagcctt ttgaaaagcc agtaatgatc tcaatgggca atgaaaatgt actggaaatt 2580

aagggaaatg atattgaccc tgaagcagtt aaaggtgaag tgttaaaagt tggaaataag 2640

agctgtgaga atatacactt acattctgaa gccgttttat gcacggtccc caatgacctg 2700

ctgaaattga acagcgagct aaatatagag tggaagcaag caatttcttc aaccgtcctt 2760

ggaaaagtaa tagttcaacc agatcagaat ttcaccggat tgattgctgg tgttgtctca 2820

atatcaatag cactcttact actacttggg cttttcctgt ggctgaaaaa gagaaagcaa 2880

attaaagatc tgggcagtga attagttcgc tatgatgcaa gagtacacac tcctcatttg 2940

gataggcttg taagtgcccg aagtgtaagc ccaacaacag aaatggtttc aaatgaatct 3000

gtagactacc gagctacttt tccagaagat cagtttccta attcatctca gaacggttca 3060

tgccgacaag tgcagtatcc tctgacagac atgtccccca tcctgactag tggggactct 3120

gatatatcca gtccattact gcaaaacact gtccacattg acctcagcgc tctaaatcca 3180

gagctggtcc aggcagtgca gcatgtagtg attgggccca gtagcctgat tgtgcatttc 3240

aatgaagtca taggaagagg gcattttggt tgtgtatatc atgggacttt gttggacaat 3300

gatggcaaga aaattcactg tgctgtgaaa tccttgaaca gaatcactga cataggagaa 3360

gtttcccagt ttctgaccga gggaatcatc atgaaagatt ttagtcatcc caatgtcctc 3420

tcgctcctgg gaatctgcct gcgaagtgaa gggtctccgc tggtggtcct accctacatg 3480

aaacatggag atcttcgaaa tttcattcga aatgagactc ataatccaac tgtaaaagat 3540

cttattggct ttggtcttca agtagccaaa ggcatgaaat atcttgcaag caaaaagttt 3600

gtccacagag acttggctgc aagaaactgt atgctggatg aaaaattcac agtcaaggtt 3660

gctgattttg gtcttgccag agacatgtat gataaagaat actatagtgt gcacaacaaa 3720

acaggtgcaa agctgccagt gaagtggatg gctttggaaa gtctgcaaac tcaaaagttt 3780

accaccaagt cagatgtgtg gtcctttggt gtgctcctct gggagctcat gacaagagga 3840

gccccaccct atcctgatgt gaacaccttt gatataactg tttacttgtt gcaagggaga 3900

aggctcctac aacccgaata ctgcccagac cccttatatg aagtaatgct aaaatgctgg 3960

caccctaaag cagaaatgcg cccatccttt tctgaactgg tgtcccggat atcagcgatc 4020

ttctctactt tcattgggga gcactacgtc catgtaaacg ctacttatgt gaacgtaaaa 4080

tgtgtcgctc catatccttc tctgttgtca tcagaagata acgctgatga cgaggtggac 4140

acatga 4146

<210> 789

<211> 1381

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> macaque cMET construct

<400> 789

Met Lys Ala Pro Ala Val Leu Ala Pro Gly Ile Leu Val Leu Leu Phe

1 5 10 15

Thr Leu Val Gln Arg Ser Asn Gly Glu Cys Lys Glu Ala Leu Ala Lys

20 25 30

Ser Glu Met Asn Val Asn Met Lys Tyr Gln Leu Pro Asn Phe Thr Ala

35 40 45

Glu Thr Ala Ile Gln Asn Val Ile Leu His Glu His His Ile Phe Leu
50 55 60
Gly Ala Thr Asn Tyr Ile Tyr Val Leu Asn Glu Glu Asp Leu Gln Lys
65 70 75 80
Val Ala Glu Tyr Lys Thr Gly Pro Val Leu Glu His Pro Asp Cys Phe
85 90 95
Pro Cys Gln Asp Cys Ser Ser Lys Ala Asn Leu Ser Gly Gly Val Trp

100 105 110
Lys Asp Asn Ile Asn Met Ala Leu Val Val Asp Thr Tyr Tyr Asp Asp
115 120 125
Gln Leu Ile Ser Cys Gly Ser Val Asn Arg Gly Thr Cys Gln Arg His
130 135 140
Val Phe Pro His Asn His Thr Ala Asp Ile Gln Ser Glu Val His Cys
145 150 155 160
Ile Phe Ser Pro Gln Ile Glu Glu Pro Asn Gln Cys Pro Asp Cys Val

165 170 175
Val Ser Ala Leu Gly Ala Lys Val Leu Ser Ser Val Lys Asp Arg Phe
180 185 190
Ile Asn Phe Phe Val Gly Asn Thr Ile Asn Ser Ser Tyr Phe Pro His
195 200 205
His Pro Leu His Ser Ile Ser Val Arg Arg Leu Lys Glu Thr Lys Asp
210 215 220
Gly Phe Met Phe Leu Thr Asp Gln Ser Tyr Ile Asp Val Leu Pro Glu

225 230 235 240
Phe Arg Asp Ser Tyr Pro Ile Lys Tyr Ile His Ala Phe Glu Ser Asn
245 250 255
Asn Phe Ile Tyr Phe Leu Thr Val Gln Arg Glu Thr Leu Asn Ala Gln
260 265 270
Thr Phe His Thr Arg Ile Ile Arg Phe Cys Ser Leu Asn Ser Gly Leu
275 280 285
His Ser Tyr Met Glu Met Pro Leu Glu Cys Ile Leu Thr Glu Lys Arg

290 295 300

Lys Lys Arg Ser Thr Lys Lys Glu Val Phe Asn Ile Leu Gln Ala Ala

305 310 315 320

Tyr Val Ser Lys Pro Gly Ala Gln Leu Ala Arg Gln Ile Gly Ala Ser

325 330 335

Leu Asn Asp Asp Ile Leu Phe Gly Val Phe Ala Gln Ser Lys Pro Asp

340 345 350

Ser Ala Glu Pro Met Asp Arg Ser Ala Met Cys Ala Phe Pro Ile Lys

355 360 365

Tyr Val Asn Asp Phe Phe Asn Lys Ile Val Asn Lys Asn Asn Val Arg

370 375 380

Cys Leu Gln His Phe Tyr Gly Pro Asn His Glu His Cys Phe Asn Arg

385 390 395 400

Thr Leu Leu Arg Asn Ser Ser Gly Cys Glu Ala Arg Arg Asp Glu Tyr

405 410 415

Arg Ala Glu Phe Thr Thr Ala Leu Gln Arg Val Asp Leu Phe Met Gly

420 425 430

Gln Phe Ser Glu Val Leu Leu Thr Ser Ile Ser Thr Phe Val Lys Gly

435 440 445

Asp Leu Thr Ile Ala Asn Leu Gly Thr Ser Glu Gly Arg Phe Met Gln

450 455 460

Val Val Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Thr Pro His Val Asn Phe Leu

465 470 475 480

Leu Asp Ser His Pro Val Ser Pro Glu Val Ile Val Glu His Pro Leu

485 490 495

Asn Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Val Val Thr Gly Lys Lys Ile Thr Lys

500 505 510

Ile Pro Leu Asn Gly Leu Gly Cys Arg His Phe Gln Ser Cys Ser Gln

515 520 525

Cys Leu Ser Ala Pro Pro Phe Val Gln Cys Gly Trp Cys His Asp Lys

530 535 540

Cys Val Arg Ser Glu Glu Cys Pro Ser Gly Thr Trp Thr Gln Gln Ile

545 550 555 560

Cys Leu Pro Ala Ile Tyr Lys Val Phe Pro Thr Ser Ala Pro Leu Glu

565 570 575

Gly Gly Thr Arg Leu Thr Ile Cys Gly Trp Asp Phe Gly Phe Arg Arg

580 585 590

Asn Asn Lys Phe Asp Leu Lys Lys Thr Arg Val Leu Leu Gly Asn Glu

595 600 605

Ser Cys Thr Leu Thr Leu Ser Glu Ser Thr Met Asn Thr Leu Lys Cys

610 615 620

Thr Val Gly Pro Ala Met Asn Lys His Phe Asn Met Ser Ile Ile Ile

625 630 635 640

Ser Asn Gly His Gly Thr Thr Gln Tyr Ser Thr Phe Ser Tyr Val Asp

645 650 655

Pro Ile Ile Thr Ser Ile Ser Pro Lys Tyr Gly Pro Met Ala Gly Gly

660 665 670

Thr Leu Leu Thr Leu Thr Gly Asn Tyr Leu Asn Ser Gly Asn Ser Arg

675 680 685

His Ile Ser Ile Gly Gly Lys Thr Cys Thr Leu Lys Ser Val Ser Asn

690 695 700

Ser Ile Leu Glu Cys Tyr Thr Pro Ala Gln Thr Ile Ser Thr Glu Phe

705 710 715 720

Ala Val Lys Leu Lys Ile Asp Leu Ala Asn Arg Glu Thr Ser Ile Phe

725 730 735

Ser Tyr Arg Glu Asp Pro Ile Val Tyr Glu Ile His Pro Thr Lys Ser

740 745 750

Phe Ile Ser Gly Gly Ser Thr Ile Thr Gly Val Gly Lys Asn Leu His

755 760 765

Ser Val Ser Val Pro Arg Met Val Ile Asn Val His Glu Ala Gly Arg

770 775 780

Asn Phe Thr Val Ala Cys Gln His Arg Ser Asn Ser Glu Ile Ile Cys

785 790 795 800

Cys Thr Thr Pro Ser Leu Gln Gln Leu Asn Leu Gln Leu Pro Leu Lys

805 810 815

Thr Lys Ala Phe Phe Met Leu Asp Gly Ile Leu Ser Lys Tyr Phe Asp

820 825 830

Leu Ile Tyr Val His Asn Pro Val Phe Lys Pro Phe Glu Lys Pro Val

835 840 845

Met Ile Ser Met Gly Asn Glu Asn Val Leu Glu Ile Lys Gly Asn Asp

850 855 860

Ile Asp Pro Glu Ala Val Lys Gly Glu Val Leu Lys Val Gly Asn Lys

865 870 875 880

Ser Cys Glu Asn Ile His Leu His Ser Glu Ala Val Leu Cys Thr Val

885 890 895

Pro Asn Asp Leu Leu Lys Leu Asn Ser Glu Leu Asn Ile Glu Trp Lys

900 905 910

Gln Ala Ile Ser Ser Thr Val Leu Gly Lys Val Ile Val Gln Pro Asp

915 920 925

Gln Asn Phe Thr Gly Leu Ile Ala Gly Val Val Ser Ile Ser Ile Ala

930 935 940

Leu Leu Leu Leu Leu Gly Leu Phe Leu Trp Leu Lys Lys Arg Lys Gln

945 950 955 960

Ile Lys Asp Leu Gly Ser Glu Leu Val Arg Tyr Asp Ala Arg Val His

965 970 975

Thr Pro His Leu Asp Arg Leu Val Ser Ala Arg Ser Val Ser Pro Thr

980 985 990

Thr Glu Met Val Ser Asn Glu Ser Val Asp Tyr Arg Ala Thr Phe Pro

995 1000 1005

Glu Asp Gln Phe Pro Asn Ser Ser Gln Asn Gly Ser Cys Arg Gln

1010 1015 1020

Val Gln Tyr Pro Leu Thr Asp Met Ser Pro Ile Leu Thr Ser Gly

1025 1030 1035

```
Asp Ser  Asp Ile Ser Ser Pro  Leu Leu Gln Asn Thr  Val His Ile
    1040                1045                1050
Asp Leu  Ser Ala Leu Asn Pro  Glu Leu Val Gln Ala  Val Gln His

    1055                1060                1065
Val Val  Ile Gly Pro Ser Ser  Leu Ile Val His Phe  Asn Glu Val
    1070                1075                1080
Ile Gly  Arg Gly His Phe Gly  Cys Val Tyr His Gly  Thr Leu Leu
    1085                1090                1095
Asp Asn  Asp Gly Lys Lys Ile  His Cys Ala Val Lys  Ser Leu Asn
    1100                1105                1110
Arg Ile  Thr Asp Ile Gly Glu  Val Ser Gln Phe Leu  Thr Glu Gly

    1115                1120                1125
Ile Ile  Met Lys Asp Phe Ser  His Pro Asn Val Leu  Ser Leu Leu
    1130                1135                1140
Gly Ile  Cys Leu Arg Ser Glu  Gly Ser Pro Leu Val  Val Leu Pro
    1145                1150                1155
Tyr Met  Lys His Gly Asp Leu  Arg Asn Phe Ile Arg  Asn Glu Thr
    1160                1165                1170
His Asn  Pro Thr Val Lys Asp  Leu Ile Gly Phe Gly  Leu Gln Val

    1175                1180                1185
Ala Lys  Gly Met Lys Tyr Leu  Ala Ser Lys Lys Phe  Val His Arg
    1190                1195                1200
Asp Leu  Ala Ala Arg Asn Cys  Met Leu Asp Glu Lys  Phe Thr Val
    1205                1210                1215
Lys Val  Ala Asp Phe Gly Leu  Ala Arg Asp Met Tyr  Asp Lys Glu
    1220                1225                1230
Tyr Tyr  Ser Val His Asn Lys  Thr Gly Ala Lys Leu  Pro Val Lys

    1235                1240                1245
Trp Met  Ala Leu Glu Ser Leu  Gln Thr Gln Lys Phe  Thr Thr Lys
    1250                1255                1260
Ser Asp  Val Trp Ser Phe Gly  Val Leu Leu Trp Glu  Leu Met Thr
```

1265 1270 1275

Arg Gly Ala Pro Pro Tyr Pro Asp Val Asn Thr Phe Asp Ile Thr

1280 1285 1290

Val Tyr Leu Leu Gln Gly Arg Arg Leu Leu Gln Pro Glu Tyr Cys

1295 1300 1305

Pro Asp Pro Leu Tyr Glu Val Met Leu Lys Cys Trp His Pro Lys

1310 1315 1320

Ala Glu Met Arg Pro Ser Phe Ser Glu Leu Val Ser Arg Ile Ser

1325 1330 1335

Ala Ile Phe Ser Thr Phe Ile Gly Glu His Tyr Val His Val Asn

1340 1345 1350

Ala Thr Tyr Val Asn Val Lys Cys Val Ala Pro Tyr Pro Ser Leu

1355 1360 1365

Leu Ser Ser Glu Asp Asn Ala Asp Asp Glu Val Asp Thr

1370 1375 1380

<210> 790

<211> 81

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VH-A-XhoI

<400> 790

ccatgtctcg agtctgggsc tgaastgrwg argcctgggg cttcagtgaa artgtcctgc 60

arggcttcgg gctatacctt c 81

<210> 791

<211> 74

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223

> CM1-VH-B

<400> 791

atccactcaa gccyttgtcc aggcsyctgt ytaacccagt gcaaccagta gctggtgaag 60

gtatagcccg aagc 74

<210> 792

<211> 68

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VH-C

<400> 792

ggcttgagtg gatkggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt aatccgaact 60

tcaaggac 68

<210> 793

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VH-D

<400> 793

gctgctgagc wscatgtagg ctgtgytggm agatstgtct myaktsawtg tgrccytgtc 60

cttgaagttc ggatt 75

<210> 794

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VH-E

<400> 794

gcctacatgs wactcagcag cctgasatct gmggacactg cagtctatta ctgtgccasa 60

tatggtagct acgtt 75

<210> 795

<211> 60

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VH-F-BstEII

<400> 795

catgtaggtg accgaggttc cttgacccca gtagtccaga ggggaaacgt agctaccata 60

<210> 796

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VH-A-XhoI

<400> 796

ccatgtctcg agtctgggrc tgaastgrwg aagcctgggg cttcagtgaa gstgtcctgc 60

aaggcttct 69

<210> 797

<211> 78

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VH-B

<400> 797

ctcaaggcct tgtccaggcs yctgcytcac ccagtgtatc cagtaactgg tgaaggtgta 60

gccagaagcc ttgcagga 78

<210> 798

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VH-C

<400> 798

cctggacaag gccttgagtg gatkggagag attaatccta gcagcggtcg tactaactac 60

aacgagaaat tc 72

<210> 799

<211> 61

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VH-D

<400> 799

ctgtggaggt agatktgtct myagtcaytg tgaccytgtt cttgaatttc tcgttgtagt 60

t 61

<210> 800

<211> 70

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VH-E

<400> 800

atctacctcc acagyctaca tgsaactcag carcctgasa tctgaggaca ctgcggtcta 60

ttactgtgca 70

<210> 801

<211> 60

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VH-F-BstEII

<400> 801

catgtaggtg accgtggtgc cttggcccca gtagcccctw cttgcacagt aatagaccgc 60

<210> 802

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223

> CM1-VL-A-SacI

<400> 802

cctgtagagc tcgtgatgac ccagactcca yyctccctam ctgtgacasy tggagagmmg 60

gyttctrtca gctgcaagtc cagt 84

<210> 803

<211> 65

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VL-B

<400> 803

gtaccaggcc aagtagttct tctgactgct agtatataaa agggactgac tggacttgca 60

gctga 65

<210> 804

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VL-C

<400> 804

tacttggcct ggtaccwgca gaaaccaggt cagtctcctm aactgctgat ttactgggca 60

tccactagg 69

<210> 805

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VL-D

<400> 805

gagagtgaaa tctgtcccag atccactgcc tgagaagcga tcagggaccc cagattccct 60

agtggatgcc cagta 75

<210> 806

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VL-E

<400> 806

acagatttca ctctcamaat ctccagwgtg raggctgasg acstggsagt ttattactgt 60

cagcaatat 69

<210> 807

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM1-VL-F-BsiWI/SpeI

<400> 807

cctcagacta gtcgtacgtt tgatctccaa ctttgtgcct ccaccgaacg tccacggata 60

ggcataatat tgctgacagt aata 84

<210> 808

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VL-A-SacI

<400

> 808

cctgtagagc tcgtgatgac ccaatctcca syttctttgs ctgtgactct agggcagcsg 60

gcctccatct cctgc 75

<210> 809

<211> 66

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VL-Ba

<400> 809

gaaccaactc atataactac caccatcata atcaacactt tggctggcct tgcaggagat 60

ggaggc 66

<210> 810

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VL-Bb

<400> 810

gaaccaactc atataactac caccatcata atcaacacta gattggctgg ccttgcagga 60

gatggaggc 69

<210> 811

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VL-C

<400> 811

agttatatga gttggttcca acagagacca ggacagycac ccarackcct catctmtgct 60

gcatccaatc ta 72

<210> 812

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VL-D

<400> 812

ggtgaagtct gtcccagagc cactgccact aaacctgkct gggaycccag attctagatt 60

ggatgcagc 69

<210> 813

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VL-E

<400> 813

tctgggacag acttcaccct caakatcymt cstgtggagg mggaggatgt tgsaryctat 60

tactgtcagc aaagt 75

<210> 814

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CM3-VL-F-BsiWI/SpeI

<400> 814

cctcagacta gtcgtacgtt tgatctccag cttggtcccc tgaccgaacg tgagcggatc 60

ctcataactt tgctgacagt aata 84

<210> 815

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 L

<400> 815

Asp Ile Met Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Val Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Thr Ser Val Lys Ala Asp Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 816

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 L-CDR1

<400> 816

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 817

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 L-CDR2

<400> 817

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 818

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 L-CDR3

<400> 818

Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 819

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 L

<400> 819

gatattatga tgagtcagtc ccccagcagc ctgaccgtgt ccgtgggcga gaaggtgacc 60

gtgtcttgca agagcagcca gagcctgctg tacaccagca gccagaagaa ctatctggct 120

tggtatcagc agaagcccgg ccagagccca aagctgctga tctactgggc cagcacccgg 180

gagagcggag tgcccgacag attcaccggc agcggctccg gcacagactt caccctgacc 240

atcaccagcg tgaaggccga cgacctggcc gtgtactact gccagcagta ctacgcctac 300

ccctggacct tcggcggagg gaccaagctg gagatcaag 339

<210> 820

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 H

<400> 820

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Asn Val Asp Arg Ser Ser Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Leu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Ala Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 821

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 H-CDR1

<400> 821

Ser Tyr Trp Leu His

1 5

<210> 822

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 H-CDR2

<400> 822

Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 823

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 H-CDR3

<400> 823

Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 824

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 H

<400> 824

caggtgcagc tgcagcagag cggacccgag ctggtgcggc caggcgcctc cgtgaagatg 60

agctgcaggg ccagcggcta caccttcacc agctactggc tgcactgggt gaaacagaga 120

cctggacagg gactggagtg gatcggcatg atcgacccca gcaacagcga caccaggttc 180

aaccccaact tcaaggacaa ggccaccctg aacgtggaca ggtccagcaa caccgcctac 240

atgctgctgt ccagcctgac ctctgccgac agcgccgtgt attactgtgc cacctacggc 300

agctacgtgt ccccccctgga ctactggggc cagggcacct ctgtgacagt gtcctcc 357

<210> 825

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 HL

<400> 825

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Asn Val Asp Arg Ser Ser Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Leu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Ala Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Met Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser
130 135 140

Leu Thr Val Ser Val Gly Glu Lys Val Thr Val Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr

165 170 175

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Lys Ala Asp Asp Leu Ala

210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 826

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 HL

<400> 826

caggtgcagc tgcagcagag cggacccgag ctggtgcggc caggcgcctc cgtgaagatg 60

agctgcaggg ccagcggcta caccttcacc agctactggc tgcactgggt gaaacagaga 120

cctggacagg gactggagtg gatcggcatg atcgacccca gcaacagcga caccaggttc 180

aaccccaact tcaaggacaa ggccaccctg aacgtggaca ggtccagcaa caccgcctac 240

atgctgctgt ccagcctgac ctctgccgac agcgccgtgt attactgtgc cacctacggc 300

agctacgtgt ccccccctgga ctactggggc cagggcacct ctgtgacagt gtcctccggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgatattat gatgagtcag 420

tcccccagca gcctgaccgt gtccgtgggc gagaaggtga ccgtgtcttg caagagcagc 480

cagagcctgc tgtacaccag cagccagaag aactatctgg cttggtatca gcagaagccc 540

ggccagagcc caaagctgct gatctactgg gccagcaccc gggagagcgg agtgcccgac 600

agattcaccg gcagcggctc cggcacagac ttcaccctga ccatcaccag cgtgaaggcc 660

gacgacctgg ccgtgtacta ctgccagcag tactacgcct acccctggac cttcggcgga 720

gggaccaagc tggagatcaa g 741

<210> 827

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 LH

<400> 827

Asp Ile Met Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Val Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80

Ile Thr Ser Val Lys Ala Asp Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
130 135 140

Ser Val Lys Met Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

145 150 155 160

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
165 170 175

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
180 185 190

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Asn Val Asp Arg Ser Ser Asn Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Leu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Ala Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser

245

<210> 828

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 LH

<400> 828

gatattatga tgagtcagtc ccccagcagc ctgaccgtgt ccgtgggcga gaaggtgacc 60

gtgtcttgca agagcagcca gagcctgctg tacaccagca gccagaagaa ctatctggct 120

tggtatcagc agaagcccgg ccagagccca aagctgctga tctactgggc cagcacccgg 180

gagagcggag tgcccgacag attcaccggc agcggctccg gcacagactt caccctgacc 240

atcaccagcg tgaaggccga cgacctggcc gtgtactact gccagcagta ctacgcctac 300

ccctggacct tcggcggagg gaccaagctg gagatcaagg gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctgcagc agagcggacc cgagctggtg 420

cggccaggcg cctccgtgaa gatgagctgc agggccagcg gctacacctt caccagctac 480

tggctgcact gggtgaaaca gagacctgga cagggactgg agtggatcgg catgatcgac 540

cccagcaaca gcgacaccag gttcaacccc aacttcaagg acaaggccac cctgaacgtg 600

gacaggtcca gcaacaccgc ctacatgctg ctgtccagcc tgacctctgc cgacagcgcc 660

gtgtattact gtgccaccta cggcagctac gtgtcccccc tggactactg gggccagggc 720

acctctgtga cagtgtcctc c 741

<210> 829

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 HL x I2C HL

<400> 829

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Trp Leu His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60
Lys Asp Lys Ala Thr Leu Asn Val Asp Arg Ser Ser Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Leu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Ala Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Ser 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 Met Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser
130 135 140

Leu Thr Val Ser Val Gly Glu Lys Val Thr Val Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160
Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175
Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser
180 185 190
Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Thr Ser Val Lys Ala Asp Asp Leu Ala
210 215 220
Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln
245 250 255
Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu
465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 830

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 HL x I2C HL

<400> 830

caggtgcagc tgcagcagag cggacccgag ctggtgcggc caggcgcctc cgtgaagatg 60

agctgcaggg ccagcggcta caccttcacc agctactggc tgcactgggt gaaacagaga 120

cctggacagg gactggagtg gatcggcatg atcgacccca gcaacagcga caccaggttc 180

aaccccaact tcaaggacaa ggccaccctg aacgtggaca ggtccagcaa caccgcctac 240

atgctgctgt ccagcctgac ctctgccgac agcgccgtgt attactgtgc cacctacggc 300

agctacgtgt ccccccctgga ctactggggc cagggcacct ctgtgacagt gtcctccggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgatattat gatgagtcag 420

tcccccagca gcctgaccgt gtccgtgggc gagaaggtga ccgtgtcttg caagagcagc 480

cagagcctgc tgtacaccag cagccagaag aactatctgg cttggtatca gcagaagccc 540

ggccagagcc caaagctgct gatctactgg gccagcaccc gggagagcgg agtgcccgac 600

agattcaccg gcagcggctc cggcacagac ttcaccctga ccatcaccag cgtgaaggcc 660

gacgacctgg ccgtgtacta ctgccagcag tactacgcct acccctggac cttcggcgga 720

gggaccaagc tggagatcaa gtccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 831

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 LH x I2C HL

<400> 831

Asp Ile Met Met Ser Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Ser Val Gly
1 5 10 15
Glu Lys Val Thr Val Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30
Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Thr Ser Val Lys Ala Asp Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95
Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Arg Pro Gly Ala
130 135 140
Ser Val Lys Met Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

145 150 155 160
Trp Leu His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
165 170 175
Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
180 185 190
Lys Asp Lys Ala Thr Leu Asn Val Asp Arg Ser Ser Asn Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Leu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Ala Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Ser Val Thr Val Ser 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> 832

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-1 LH x I2C HL

<400> 832

gatattatga tgagtcagtc ccccagcagc ctgaccgtgt ccgtgggcga gaaggtgacc 60

gtgtcttgca agagcagcca gagcctgctg tacaccagca gccagaagaa ctatctggct 120

tggtatcagc agaagcccgg ccagagccca aagctgctga tctactgggc cagcacccgg 180

gagagcggag tgcccgacag attcaccggc agcggctccg gcacagactt caccctgacc 240

atcaccagcg tgaaggccga cgacctggcc gtgtactact gccagcagta ctacgcctac 300

ccctggacct tcggcggagg gaccaagctg gagatcaagg gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctgcagc agagcggacc cgagctggtg 420

cggccaggcg cctccgtgaa gatgagctgc agggccagcg gctacacctt caccagctac 480

tggctgcact gggtgaaaca gagacctgga cagggactgg agtggatcgg catgatcgac 540

cccagcaaca gcgacaccag gttcaacccc aacttcaagg acaaggccac cctgaacgtg 600

gacaggtcca gcaacaccgc ctacatgctg ctgtccagcc tgacctctgc cgacagcgcc 660

gtgtattact gtgccaccta cggcagctac gtgtcccccc tggactactg gggccagggc 720

acctctgtga cagtgtcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 833

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-3 L-CDR1

<400> 833

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Gly Ser Tyr Met Ser

1 5 10 15

<210> 834

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-3 L-CDR2

<400> 834

Ala Ala Ser Asn Leu Glu Ser

1 5

<210> 835

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-3 L-CDR3

<400> 835

Gln Gln Ser Tyr Glu Asp Pro Leu Thr

1 5

<210> 836

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-3 H-CDR1

<400> 836

Ser Tyr Trp Ile His

1 5

<210> 837

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-3 H-CDR2

<400> 837

Glu Ile Asn Pro Ser Ser Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asn

<210> 838

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-3 H-CDR3

<400> 838

Arg Gly Tyr

1

<210> 839

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET 4 L

<400> 839

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asn Thr Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 840

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 L-CDR1

<400> 840

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asn Thr Trp Leu Ala

1 5 10

<210> 841

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 L-CDR2

<400> 841

Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser

1 5

<210> 842

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 L-CDR3

<400> 842

Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu Thr

1 5

<210> 843

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 L

<400> 843

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacatgta gagctagcca gggcatcaac acctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacgcc gcttcctccc tgaaatctgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggaag cggagccgac ttcaccctga ccatcagcag cctgcagccc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag gccaacagct tccccctgac cttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa g 321

<210> 844

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 H

<400> 844

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 Glu Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Gly Phe Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser Ala Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Gln Lys Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Ser Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Val Tyr Ala Asp Tyr Ala Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 845

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 H-CDR1

<400> 845

Ser Tyr Gly Phe Ser
1 5

<210> 846

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 H-CDR2

<400> 846

Trp Ile Ser Ala Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Gln Lys Leu Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 847

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 H-CDR3

<400> 847

Val Tyr Ala Asp Tyr Ala Asp Tyr
1 5

<210> 848

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 H

<400> 848

caggtgcagc tggtgcagag cggcgctgag gtgaagaagc caggcgccag cgtcaaggtg 60

tcctgcgagg ccagcggcta caccttcacc agctacggct tcagctgggt gcggcaggct 120

cctggacagg gactggaatg gatgggctgg atcagcgcca gcaacggcaa cacctactac 180

gcccagaagc tgcagggccg cgtcaccatg accaccgaca ccagcaccag cagcgcctac 240

atggagctga gaagcctgag atccgacgac accgccgtgt actactgcgc cagggtgtac 300

gccgactacg ctgactactg gggccagggc accctggtga cagtgtcttc c 351

<210> 849

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 HL

<400> 849

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 Glu Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Gly Phe Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser Ala Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Gln Lys Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Ser Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Val Tyr Ala Asp Tyr Ala Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser

130 135 140

Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly

145 150 155 160

Ile Asn Thr Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

165 170 175

Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

195 200 205

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn

210 215 220

Ser Phe Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

225 230 235

<210> 850

<211> 717

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 HL

<400> 850

caggtgcagc tggtgcagag cggcgctgag gtgaagaagc caggcgccag cgtcaaggtg 60

tcctgcgagg ccagcggcta caccttcacc agctacggct tcagctgggt gcggcaggct 120

cctggacagg gactggaatg gatgggctgg atcagcgcca gcaacggcaa cacctactac 180

gcccagaagc tgcagggccg cgtcaccatg accaccgaca ccagcaccag cagcgcctac 240

atggagctga gaagcctgag atccgacgac accgccgtgt actactgcgc cagggtgtac 300

gccgactacg ctgactactg gggccagggc accctggtga cagtgtcttc cggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tccagatgac ccagagcccc 420

agcagcgtgt ctgccagcgt gggcgacaga gtgaccatca catgtagagc tagccagggc 480

atcaacacct ggctggcctg gtatcagcag aagcccggca aggcccccaa gctgctgatc 540

tacgccgctt cctccctgaa atctggcgtg cccagcagat tcagcggcag cggaagcgga 600

gccgacttca ccctgaccat cagcagcctg cagcccgagg acttcgccac ctactactgc 660

cagcaggcca acagcttccc cctgaccttc ggcggaggga ccaaggtgga gatcaag 717

<210> 851

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 LH

<400> 851

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asn Thr Trp
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser
100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Gln
115 120 125

Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys
130 135 140

Glu Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Gly Phe Ser Trp Val Arg
145 150 155 160

Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly Trp Ile Ser Ala Ser
165 170 175

Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Gln Lys Leu Gln Gly Arg Val Thr Met
180 185 190

Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Ser Ala Tyr Met Glu Leu Arg Ser Leu

195 200 205

Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Val Tyr Ala Asp

210 215 220

Tyr Ala Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

225 230 235

<210> 852

<211> 717

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 LH

<400> 852

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacatgta gagctagcca gggcatcaac acctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacgcc gcttcctccc tgaaatctgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggaag cggagccgac ttcaccctga ccatcagcag cctgcagccc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag gccaacagct tccccctgac cttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa gggtggtggt ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt 360

ggttctcagg tgcagctggt gcagagcggc gctgaggtga agaagccagg cgccagcgtc 420

aaggtgtcct gcgaggccag cggctacacc ttcaccagct acggcttcag ctgggtgcgg 480

caggctcctg gacagggact ggaatggatg ggctggatca gcgccagcaa cggcaacacc 540

tactacgccc agaagctgca gggccgcgtc accatgacca ccgacaccag caccagcagc 600

gcctacatgg agctgagaag cctgagatcc gacgacaccg ccgtgtacta ctgcgccagg 660

gtgtacgccg actacgctga ctactggggc cagggcaccc tggtgacagt gtcttcc 717

<210> 853

<211> 494

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 HL x I2C HL

<400> 853

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 Glu Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Gly Phe Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Ser Ala Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Gln Lys Leu

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Ser Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Val Tyr Ala Asp Tyr Ala Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser

130 135 140

Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly

145 150 155 160

Ile Asn Thr Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

165 170 175

Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser

180 185 190

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

195 200 205

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn

210 215 220

Ser Phe Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser

225 230 235 240

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu

245 250 255

Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe

260 265 270

Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys
275 280 285
Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala

290 295 300
Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp
305 310 315 320
Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu
325 330 335
Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser
340 345 350
Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

355 360 365
Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly
385 390 395 400
Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser
405 410 415
Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg

420 425 430
Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg
435 440 445
Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly
450 455 460
Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser
465 470 475 480
Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 854

<211> 1482

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 HL x I2C HL

<400> 854

caggtgcagc tggtgcagag cggcgctgag gtgaagaagc caggcgccag cgtcaaggtg 60

tcctgcgagg ccagcggcta caccttcacc agctacggct tcagctgggt gcggcaggct 120

cctggacagg gactggaatg gatgggctgg atcagcgcca gcaacggcaa cacctactac 180

gcccagaagc tgcagggccg cgtcaccatg accaccgaca ccagcaccag cagcgcctac 240

atggagctga gaagcctgag atccgacgac accgccgtgt actactgcgc cagggtgtac 300

gccgactacg ctgactactg gggccagggc accctggtga cagtgtcttc cggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tccagatgac ccagagcccc 420

agcagcgtgt ctgccagcgt gggcgacaga gtgaccatca catgtagagc tagccagggc 480

atcaacacct ggctggcctg gtatcagcag aagcccggca aggcccccaa gctgctgatc 540

tacgccgctt cctccctgaa atctggcgtg cccagcagat tcagcggcag cggaagcgga 600

gccgacttca ccctgaccat cagcagcctg cagcccgagg acttcgccac ctactactgc 660

cagcaggcca acagcttccc cctgaccttc ggcggaggga ccaaggtgga gatcaagtcc 720

ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc gagtctggag gaggattggt gcagcctgga 780

gggtcattga aactctcatg tgcagcctct ggattcacct tcaataagta cgccatgaac 840

tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat 900

aataattatg caacatatta tgccgattca gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat 960

gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg aacaacttga aaactgagga cactgccgtg 1020

tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt aatagctaca tatcctactg ggcttactgg 1080

ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc 1140

ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact caggaacctt cactcaccgt atcacctggt 1200

ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg actggggctg ttacatctgg caactaccca 1260

aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc 1320

ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc 1380

accctctcag gggtacagcc agaggatgag gcagaatatt actgtgttct atggtacagc 1440

aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa ctgactgtcc ta 1482

<210> 855

<211> 493

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 LH x I2C HL

<400> 855

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Asn Thr Trp
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Ala Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser
100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu Val Gln
115 120 125

Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Val Ser Cys
130 135 140

Glu Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr Gly Phe Ser Trp Val Arg
145 150 155 160

Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met Gly Trp Ile Ser Ala Ser
165 170 175

Asn Gly Asn Thr Tyr Tyr Ala Gln Lys Leu Gln Gly Arg Val Thr Met
180 185 190

Thr Thr Asp Thr Ser Thr Ser Ser Ala Tyr Met Glu Leu Arg Ser Leu
195 200 205

Arg Ser Asp Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Val Tyr Ala Asp
210 215 220

Tyr Ala Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
225 230 235 240
Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val
245 250 255

Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr
260 265 270
Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly
275 280 285
Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr
290 295 300
Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp
305 310 315 320

Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp
325 330 335
Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr
340 345 350
Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
355 360 365
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380

Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
385 390 395 400
Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
405 410 415
Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
420 425 430
Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
435 440 445

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
450 455 460
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn

465 470 475 480

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 856

<211> 1479

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-4 LH x I2C HL

<400> 856

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacatgta gagctagcca gggcatcaac acctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct gatctacgcc gcttcctccc tgaaatctgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggaag cggagccgac ttcaccctga ccatcagcag cctgcagccc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag gccaacagct tccccctgac cttcggcgga 300

gggaccaagg tggagatcaa gggtggtggt ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt 360

ggttctcagg tgcagctggt gcagagcggc gctgaggtga agaagccagg cgccagcgtc 420

aaggtgtcct gcgaggccag cggctacacc ttcaccagct acggcttcag ctgggtgcgg 480

caggctcctg gacagggact ggaatggatg ggctggatca gcgccagcaa cggcaacacc 540

tactacgccc agaagctgca gggccgcgtc accatgacca ccgacaccag caccagcagc 600

gcctacatgg agctgagaag cctgagatcc gacgacaccg ccgtgtacta ctgcgccagg 660

gtgtacgccg actacgctga ctactggggc cagggcaccc tggtgacagt gtcttccgga 720

ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag tctggaggag gattggtgca gcctggaggg 780

tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg 840

gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa tgggttgctc gcataagaag taaatataat 900

aattatgcaa catattatgc cgattcagtg aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat 960

tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac 1020

tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat agctacatat cctactgggc ttactggggc 1080

caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt 1140

ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga 1200

acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac 1260

tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc 1320

gcccccggta ctcctgccag attctcaggc tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc 1380

ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca gaatattact gtgttctatg gtacagcaac 1440

cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg actgtccta 1479

<210> 857

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 L

<400> 857

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Asn

20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Pro

85 90 95

Met Tyr Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Met Lys

100 105

<210> 858

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 L-CDR1

<400> 858

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Asn Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 859

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 L-CDR2

<400> 859

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr

1 5

<210> 860

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 L-CDR3

<400> 860

Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Pro Met Tyr Ser

1 5 10

<210> 861

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 L

<400> 861

gagatcgtgc tgacccagag cccaggcacc ctgagcctga gcccaggcga gagagccacc 60

ctgagctgca gagccagcca gagcgtgtcc aacaactatc tggcttggta tcagcagaaa 120

ccaggacagg ctcccagact gctgatcttc ggcgccagct ctagagccac cggcatcccc 180

gacagattca gtggtagcgg ctccggcaca gacttcaccc tgaccatttc cagactggaa 240

cccgaggact tcgccgtgta ctactgccag cagtacgaca tcagccccat gtacagcttc 300

ggccagggca ccaagctgga gatgaag 327

<210> 862

<211> 135

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 H

<400> 862

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly

20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe

65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Pro Leu Gly Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro

100 105 110

Val Thr Gly Glu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly

115 120 125

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

130 135

<210> 863

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 H-CDR1

<400> 863

Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp Ser

1 5

<210> 864

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 H-CDR2

<400> 864

Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 865

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 H-CDR3

<400> 865

Asp Gly Pro Leu Gly Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Val Thr Gly

1 5 10 15

Glu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

20 25

<210> 866

<211> 405

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 H

<400> 866

caggtgcagc tgcaggagag cgggcctgga ctggtgaagc ccagccagac cctgtctctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg cagcatcagc agcggcggct actactggtc ctggatcagg 120

cagcacccag gcaagggcct ggagtggatc ggctacatct actattctgg atccacctac 180

tacaacccca gcctgaagtc cagagtgacc atctccgtgg acaccagcaa gaaccagttc 240

agcctgaagc tgtccagcgt gacagccgcc gacaccgccg tgtattattg cgccagggac 300

ggcccactgg gatattgttc ctccacatcc tgcccagtga ccggcgagta ctactactac 360

ggcatggacg tgtggggaca gggcaccacc gtgaccgtgt cttcc 405

<210> 867

<211> 259

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 HL

<400> 867

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly

20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu
35 40 45
Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser
50 55 60
Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe
65 70 75 80
Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Asp Gly Pro Leu Gly Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro
100 105 110
Val Thr Gly Glu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly
115 120 125
Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
130 135 140
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr
145 150 155 160

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser
165 170 175
Gln Ser Val Ser Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
180 185 190
Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly
195 200 205
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
210 215 220

Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln
225 230 235 240
Gln Tyr Asp Ile Ser Pro Met Tyr Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
245 250 255
Glu Met Lys

<210> 868

<211> 777

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 HL

<400> 868

caggtgcagc tgcaggagag cgggcctgga ctggtgaagc ccagccagac cctgtctctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg cagcatcagc agcggcggct actactggtc ctggatcagg 120

cagcacccag gcaagggcct ggagtggatc ggctacatct actattctgg atccacctac 180

tacaacccca gcctgaagtc cagagtgacc atctccgtgg acaccagcaa gaaccagttc 240

agcctgaagc tgtccagcgt gacagccgcc gacaccgccg tgtattattg cgccagggac 300

ggcccactgg gatattgttc ctccacatcc tgcccagtga ccggcgagta ctactactac 360

ggcatggacg tgtggggaca gggcaccacc gtgaccgtgt cttccggtgg tggtggttct 420

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct gagatcgtgc tgacccagag cccaggcacc 480

ctgagcctga gcccaggcga gagagccacc ctgagctgca gagccagcca gagcgtgtcc 540

aacaactatc tggcttggta tcagcagaaa ccaggacagg ctcccagact gctgatcttc 600

ggcgccagct ctagagccac cggcatcccc gacagattca gtggtagcgg ctccggcaca 660

gacttcaccc tgaccatttc cagactggaa cccgaggact tcgccgtgta ctactgccag 720

cagtacgaca tcagccccat gtacagcttc ggccagggca ccaagctgga gatgaag 777

<210> 869

<211> 259

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 LH

<400> 869

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Asn

20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65 70 75 80

Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Pro
85 90 95

Met Tyr Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Met Lys Gly Gly Gly
100 105 110

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu
115 120 125

Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln Thr Leu Ser Leu
130 135 140

Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp
145 150 155 160

Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr
165 170 175

Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg
180 185 190

Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Lys Leu
195 200 205

Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp
210 215 220

Gly Pro Leu Gly Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Val Thr Gly Glu
225 230 235 240

Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
245 250 255

Val Ser Ser

<210> 870

<211> 777

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 LH

<400> 870

gagatcgtgc tgacccagag cccaggcacc ctgagcctga gcccaggcga gagagccacc 60

ctgagctgca gagccagcca gagcgtgtcc aacaactatc tggcttggta tcagcagaaa 120

ccaggacagg ctcccagact gctgatcttc ggcgccagct ctagagccac cggcatcccc 180

gacagattca gtggtagcgg ctccggcaca gacttcaccc tgaccatttc cagactggaa 240

cccgaggact tcgccgtgta ctactgccag cagtacgaca tcagccccat gtacagcttc 300

ggccagggca ccaagctgga gatgaagggt ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt 360

ggtggtggtt ctcaggtgca gctgcaggag agcgggcctg gactggtgaa gcccagccag 420

accctgtctc tgacctgcac cgtgtccggc ggcagcatca gcagcggcgg ctactactgg 480

tcctggatca ggcagcaccc aggcaagggc ctggagtgga tcggctacat ctactattct 540

ggatccacct actacaaccc cagcctgaag tccagagtga ccatctccgt ggacaccagc 600

aagaaccagt tcagcctgaa gctgtccagc gtgacagccg ccgacaccgc cgtgtattat 660

tgcgccaggg acggcccact gggatattgt tcctccacat cctgcccagt gaccggcgag 720

tactactact acggcatgga cgtgtgggga cagggcacca ccgtgaccgt gtcttcc 777

<210> 871

<211> 514

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 HL x I2C HL

<400> 871

Gln Val Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly

20 25 30

Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe

65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Asp Gly Pro Leu Gly Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro
100 105 110
Val Thr Gly Glu Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly
115 120 125

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
130 135 140
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr
145 150 155 160
Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser
165 170 175
Gln Ser Val Ser Asn Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
180 185 190

Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly
195 200 205
Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu
210 215 220
Thr Ile Ser Arg Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln
225 230 235 240
Gln Tyr Asp Ile Ser Pro Met Tyr Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu
245 250 255

Glu Met Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser
260 265 270
Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala
275 280 285
Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln
290 295 300
Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr
305 310 315 320

Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr

325 330 335

Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn

340 345 350

Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn

355 360 365

Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr

370 375 380

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

385 390 395 400

Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr

405 410 415

Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly

420 425 430

Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly

435 440 445

Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly

450 455 460

Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu

465 470 475 480

Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val

485 490 495

Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

500 505 510

Val Leu

<210> 872

<211> 1542

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 HL x I2C HL

<400> 872

caggtgcagc tgcaggagag cgggcctgga ctggtgaagc ccagccagac cctgtctctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg cagcatcagc agcggcggct actactggtc ctggatcagg 120

cagcacccag gcaagggcct ggagtggatc ggctacatct actattctgg atccacctac 180

tacaacccca gcctgaagtc cagagtgacc atctccgtgg acaccagcaa gaaccagttc 240

agcctgaagc tgtccagcgt gacagccgcc gacaccgccg tgtattattg cgccagggac 300

ggcccactgg gatattgttc ctccacatcc tgcccagtga ccggcgagta ctactactac 360

ggcatggacg tgtggggaca gggcaccacc gtgaccgtgt cttccggtgg tggtggttct 420

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct gagatcgtgc tgacccagag cccaggcacc 480

ctgagcctga gcccaggcga gagagccacc ctgagctgca gagccagcca gagcgtgtcc 540

aacaactatc tggcttggta tcagcagaaa ccaggacagg ctcccagact gctgatcttc 600

ggcgccagct ctagagccac cggcatcccc gacagattca gtggtagcgg ctccggcaca 660

gacttcaccc tgaccatttc cagactggaa cccgaggact tcgccgtgta ctactgccag 720

cagtacgaca tcagccccat gtacagcttc ggccagggca ccaagctgga gatgaagtcc 780

ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc gagtctggag gaggattggt gcagcctgga 840

gggtcattga aactctcatg tgcagcctct ggattcacct tcaataagta cgccatgaac 900

tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat 960

aataattatg caacatatta tgccgattca gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat 1020

gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg aacaacttga aaactgagga cactgccgtg 1080

tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt aatagctaca tatcctactg ggcttactgg 1140

ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc 1200

ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact caggaacctt cactcaccgt atcacctggt 1260

ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg actggggctg ttacatctgg caactaccca 1320

aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc 1380

ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc 1440

accctctcag gggtacagcc agaggatgag gcagaatatt actgtgttct atggtacagc 1500

aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa ctgactgtcc ta 1542

<210> 873

<211> 513

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 LH x I2C HL

<400> 873

```
Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1               5                  10                  15
Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Asn Asn
            20                  25                  30
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu
        35                  40                  45
Ile Phe Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser
    50                  55                  60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu
65                  70                  75                  80
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Asp Ile Ser Pro
                85                  90                  95
Met Tyr Ser Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Met Lys Gly Gly Gly
            100                 105                 110
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val Gln Leu
        115                 120                 125

Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Gln Thr Leu Ser Leu
    130                 135                 140
Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Gly Gly Tyr Tyr Trp
145                 150                 155                 160
Ser Trp Ile Arg Gln His Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr
                165                 170                 175
Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg
            180                 185                 190

Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Lys Leu
        195                 200                 205
Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Asp
    210                 215                 220
Gly Pro Leu Gly Tyr Cys Ser Ser Thr Ser Cys Pro Val Thr Gly Glu
225                 230                 235                 240
Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr
```

245 250 255

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
260 265 270
Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala
275 280 285
Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala
290 295 300
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn
305 310 315 320

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile
325 330 335
Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu
340 345 350
Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe
355 360 365
Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
370 375 380

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
385 390 395 400
Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val
405 410 415
Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala
420 425 430
Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln
435 440 445

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr
450 455 460
Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
465 470 475 480
Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu
485 490 495

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
500 505 510

Leu

<210> 874

<211> 1539

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-5 LH x I2C HL

<400> 874

gagatcgtgc tgacccagag cccaggcacc ctgagcctga gcccaggcga gagagccacc 60

ctgagctgca gagccagcca gagcgtgtcc aacaactatc tggcttggta tcagcagaaa 120

ccaggacagg ctcccagact gctgatcttc ggcgccagct ctagagccac cggcatcccc 180

gacagattca gtggtagcgg ctccggcaca gacttcaccc tgaccatttc cagactggaa 240

cccgaggact tcgccgtgta ctactgccag cagtacgaca tcagccccat gtacagcttc 300

ggccagggca ccaagctgga gatgaagggt ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt 360

ggtggtggtt ctcaggtgca gctgcaggag agcgggcctg gactggtgaa gcccagccag 420

accctgtctc tgacctgcac cgtgtccggc ggcagcatca gcagcggcgg ctactactgg 480

tcctggatca ggcagcaccc aggcaagggc ctggagtgga tcggctacat ctactattct 540

ggatccacct actacaaccc cagcctgaag tccagagtga ccatctccgt ggacaccagc 600

aagaaccagt tcagcctgaa gctgtccagc gtgacagccg ccgacaccgc cgtgtattat 660

tgcgccaggg acggcccact gggatattgt tcctccacat cctgcccagt gaccggcgag 720

tactactact acggcatgga cgtgtgggga cagggcacca ccgtgaccgt gtcttccgga 780

ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag tctggaggag gattggtgca gcctggaggg 840

tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg 900

gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa tgggttgctc gcataagaag taaatataat 960

aattatgcaa catattatgc cgattcagtg aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat 1020

tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac 1080

tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat agctacatat cctactgggc ttactggggc 1140

caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt 1200

ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga 1260

acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac 1320

tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc 1380

gcccccggta ctcctgccag attctcaggc tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc 1440

ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca gaatattact gtgttctatg gtacagcaac 1500

cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg actgtccta 1539

<210> 875

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 L

<400> 875

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Ile
85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 876

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 L-CDR1

<400> 876

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp Leu Ala

1 5 10

<210> 877

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 L-CDR2

<400> 877

Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser

1 5

<210> 878

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 L-CDR3

<400> 878

Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Ile Thr

1 5

<210> 879

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 L

<400> 879

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgca gagcttccca gggcatctct agctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctcct gatctatgct gcttccagcc tgcagagcgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggctc cggcacagac ttcaccctga ccatcagctc cctgcagtcc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag gccaacagct tccccatcac cttcggccca 300

ggcaccaagg tggagatcaa g 321

<210> 880

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 H

<400> 880

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser

20 25 30

Ser Tyr Tyr Gly Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Asp

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe

65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg His Ser Trp Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Asp Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 881

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 H-CDR1

<400> 881

Ser Ser Ser Tyr Tyr Gly Gly

1 5

<210> 882

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 H-CDR2

<400> 882

Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 883

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 H-CDR3

<400> 883

His Ser Trp Asp Tyr Phe Asp Tyr

1 5

<210> 884

<211> 354

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 H

<400> 884

cagctccagc tccaggagag cgggcctgga ctggtgaagc ccagcgagac actgagcctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg cagcatcagc agcagcagct actacggcgg ctggatcaga 120

cagccacccg gcaaaggact ggattggatc ggatccatct attatagtgg aaacacctac 180

tacaacccca gcctgaagtc ccgcgtgacc atctccgtgg acaccagcaa gaaccagttc 240

agcctgaagc tgtccagcgt gacagccgcc gacaccgccg tgtactactg cgccaggcac 300

agctgggact acttcgacta ctgggaccag ggcaccctgg tgaccgtgtc ttcc 354

<210> 885

<211> 240

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 HL

<400> 885

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser

20 25 30

Ser Tyr Tyr Gly Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Asp

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe

65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg His Ser Trp Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Asp Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val

130 135 140

Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln

145 150 155 160

Gly Ile Ser Ser Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala

165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro

180 185 190

Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile

195 200 205

Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala

210 215 220

Asn Ser Phe Pro Ile Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

225 230 235 240

<210> 886

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 HL

<400> 886

cagctccagc tccaggagag cgggcctgga ctggtgaagc ccagcgagac actgagcctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg cagcatcagc agcagcagct actacggcgg ctggatcaga 120

cagccacccg gcaaaggact ggattggatc ggatccatct attatagtgg aaacacctac 180

tacaacccca gcctgaagtc ccgcgtgacc atctccgtgg acaccagcaa gaaccagttc 240

agcctgaagc tgtccagcgt gacagccgcc gacaccgccg tgtactactg cgccaggcac 300

agctgggact acttcgacta ctgggaccag ggcaccctgg tgaccgtgtc ttccggtggt 360

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctg acatccagat gacccagagc 420

cccagcagcg tgtctgccag cgtgggcgac agagtgacca tcacctgcag agcttcccag 480

ggcatctcta gctggctggc ctggtatcag cagaagcccg gcaaggcccc caagctcctg 540

atctatgctg cttccagcct gcagagcggc gtgcccagca gattcagcgg cagcggctcc 600

ggcacagact tcaccctgac catcagctcc ctgcagtccg aggacttcgc cacctactac 660

tgccagcagg ccaacagctt ccccatcacc ttcggcccag gcaccaaggt ggagatcaag 720

<210> 887

<211> 240

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 LH

<400> 887

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Ile

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser

100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Leu Gln Leu Gln Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys

130 135 140

Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser Ser Tyr Tyr Gly Gly Trp

145 150 155 160

Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Asp Trp Ile Gly Ser Ile Tyr

165 170 175

Tyr Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr

180 185 190

Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser

195 200 205

Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg His Ser Trp

210 215 220

Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Asp Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

225 230 235 240

<210> 888

<211> 720

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 LH

<400> 888

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgca gagcttccca gggcatctct agctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctcct gatctatgct gcttccagcc tgcagagcgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggctc cggcacagac ttcaccctga ccatcagctc cctgcagtcc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag gccaacagct tccccatcac cttcggccca 300

ggcaccaagg tggagatcaa gggtggtggt ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt 360

ggttctcagc tccagctcca ggagagcggg cctggactgg tgaagcccag cgagacactg 420

agcctgacct gcaccgtgtc cggcggcagc atcagcagca gcagctacta cggcggctgg 480

atcagacagc cacccggcaa aggactggat tggatcggat ccatctatta tagtggaaac 540

acctactaca accccagcct gaagtcccgc gtgaccatct ccgtggacac cagcaagaac 600

cagttcagcc tgaagctgtc cagcgtgaca gccgccgaca ccgccgtgta ctactgcgcc 660

aggcacagct gggactactt cgactactgg gaccagggca ccctggtgac cgtgtcttcc 720

<210> 889

<211> 495

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 HL x I2C HL

<400> 889

Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1 5 10 15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser

20 25 30

Ser Tyr Tyr Gly Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Asp

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser

50 55 60

Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe

65 70 75 80

Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg His Ser Trp Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Asp Gln Gly Thr

100 105 110

Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val

130 135 140

Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln

145 150 155 160

Gly Ile Ser Ser Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala

165 170 175

Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro

180 185 190

Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile

195 200 205

Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala

210 215 220

Asn Ser Phe Pro Ile Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

225 230 235 240

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly

245 250 255

Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly

260 265 270

Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly

275 280 285

Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr

290 295 300

Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg

305 310 315 320

Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr

325 330 335

Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn

340 345 350

Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

355 360 365

Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

370 375 380

Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro

385 390 395 400

Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr

405 410 415

Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

420 425 430

Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala

435 440 445

Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser

450 455 460

Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr

465 470 475 480

Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490 495

<210> 890

<211> 1485

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 HL x I2C HL

<400> 890

cagctccagc tccaggagag cgggcctgga ctggtgaagc ccagcgagac actgagcctg 60

acctgcaccg tgtccggcgg cagcatcagc agcagcagct actacggcgg ctggatcaga 120

cagccacccg gcaaaggact ggattggatc ggatccatct attatagtgg aaacacctac 180

tacaacccca gcctgaagtc ccgcgtgacc atctccgtgg acaccagcaa gaaccagttc 240

agcctgaagc tgtccagcgt gacagccgcc gacaccgccg tgtactactg cgccaggcac 300

agctgggact acttcgacta ctgggaccag ggcaccctgg tgaccgtgtc ttccggtggt 360

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctg acatccagat gacccagagc 420

cccagcagcg tgtctgccag cgtgggcgac agagtgacca tcacctgcag agcttcccag 480

ggcatctcta gctggctggc ctggtatcag cagaagcccg gcaaggcccc caagctcctg 540

atctatgctg cttccagcct gcagagcggc gtgcccagca gattcagcgg cagcggctcc 600

ggcacagact tcaccctgac catcagctcc ctgcagtccg aggacttcgc cacctactac 660

tgccagcagg ccaacagctt ccccatcacc ttcggcccag gcaccaaggt ggagatcaag 720

tccggaggtg gtggatccga ggtgcagctg gtcgagtctg gaggaggatt ggtgcagcct 780

ggagggtcat tgaaactctc atgtgcagcc tctggattca ccttcaataa gtacgccatg 840

aactgggtcc gccaggctcc aggaaagggt ttggaatggg ttgctcgcat aagaagtaaa 900

tataataatt atgcaacata ttatgccgat tcagtgaaag acaggttcac catctccaga 960

gatgattcaa aaaacactgc ctatctacaa atgaacaact tgaaaactga ggacactgcc 1020

gtgtactact gtgtgagaca tgggaacttc ggtaatagct acatatccta ctgggcttac 1080

tggggccaag ggactctggt caccgtctcc tcaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 1140

tccggtggtg gtggttctca gactgttgtg actcaggaac cttcactcac cgtatcacct 1200

ggtggaacag tcacactcac ttgtggctcc tcgactgggg ctgttacatc tggcaactac 1260

ccaaactggg tccaacaaaa accaggtcag gcaccccgtg gtctaatagg tgggactaag 1320

ttcctcgccc ccggtactcc tgccagattc tcaggctccc tgcttggagg caaggctgcc 1380

ctcaccctct caggggtaca gccagaggat gaggcagaat attactgtgt tctatggtac 1440

agcaaccgct gggtgttcgg tggaggaacc aaactgactg tccta 1485

<210> 891

<211> 494

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 LH x I2C HL

<400> 891

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ala Asn Ser Phe Pro Ile

85 90 95

Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser

100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Leu Gln Leu Gln Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys

130 135 140

Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser Ser Ser Tyr Tyr Gly Gly Trp
145 150 155 160
Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Asp Trp Ile Gly Ser Ile Tyr

165 170 175
Tyr Ser Gly Asn Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr
180 185 190
Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser
195 200 205
Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg His Ser Trp
210 215 220
Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Asp Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

225 230 235 240
Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu
245 250 255
Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe
260 265 270
Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys
275 280 285
Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala

290 295 300
Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp
305 310 315 320
Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu
325 330 335
Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser
340 345 350
Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val

355 360 365
Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly

385 390 395 400

Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser

405 410 415

Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg

420 425 430

Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg

435 440 445

Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly

450 455 460

Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser

465 470 475 480

Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

485 490

<210> 892

<211> 1482

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-6 LH x I2C HL

<400> 892

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgacc 60

atcacctgca gagcttccca gggcatctct agctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctcct gatctatgct gcttccagcc tgcagagcgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggctc cggcacagac ttcaccctga ccatcagctc cctgcagtcc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag gccaacagct tccccatcac cttcggccca 300

ggcaccaagg tggagatcaa gggtggtggt ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt 360

ggttctcagc tccagctcca ggagagcggg cctggactgg tgaagcccag cgagacactg 420

agcctgacct gcaccgtgtc cggcggcagc atcagcagca gcagctacta cggcggctgg 480

atcagacagc cacccggcaa aggactggat tggatcggat ccatctatta tagtggaaac 540

acctactaca accccagcct gaagtcccgc gtgaccatct ccgtggacac cagcaagaac 600

cagttcagcc tgaagctgtc cagcgtgaca gccgccgaca ccgccgtgta ctactgcgcc 660

aggcacagct gggactactt cgactactgg gaccagggca ccctggtgac cgtgtcttcc 720

ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc gagtctggag gaggattggt gcagcctgga 780

gggtcattga aactctcatg tgcagcctct ggattcacct tcaataagta cgccatgaac 840

tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat 900

aataattatg caacatatta tgccgattca gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat 960

gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg aacaacttga aaactgagga cactgccgtg 1020

tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt aatagctaca tatcctactg ggcttactgg 1080

ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc 1140

ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact caggaacctt cactcaccgt atcacctggt 1200

ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg actggggctg ttacatctgg caactaccca 1260

aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc 1320

ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc 1380

accctctcag gggtacagcc agaggatgag gcagaatatt actgtgttct atggtacagc 1440

aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa ctgactgtcc ta 1482

<210> 893

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 L

<400> 893

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Ile Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Val Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Asn Ser Leu Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 894

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 L-CDR1

<400> 894

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp Leu Ala

1 5 10

<210> 895

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 L-CDR2

<400> 895

Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser

1 5

<210> 896

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 L-CDR3

<400> 896

Gln Gln Ser Asn Ser Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 897

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 L

<400> 897

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgatc 60

atcacctgca gagcttccca gggcatctct agctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct catctatgct gcttccagcc tgaagtccgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggctc cggcacagac ttcaccgtga ccatcagcag cctgcagccc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag agcaacagcc tgccctggac cttcggccag 300

ggcaccaagg tggagatcaa g 321

<210> 898

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 H

<400> 898

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 Arg Tyr

20 25 30

Ser Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Tyr Ile Ser Ser Arg Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Met Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Met Gln Met Asn Ser Leu Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Gly Tyr Gly Asp Tyr Asp Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 899

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 H-CDR1

<400> 899

Arg Tyr Ser Met Asn

1 5

<210> 900

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 H-CDR2

<400> 900

Tyr Ile Ser Ser Arg Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 901

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 H-CDR3

<400> 901

Gly Asp Tyr Asp Tyr Phe Asp Tyr

1 5

<210> 902

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 H

<400> 902

gaggtgcagc tggtcgagtc tggcggagga ctggtgcagc caggcggcag cctgagactg 60

tcctgtgctg cttctggatt caccttcagc aggtacagca tgaactgggt ccgccaggct 120

cctggtaaag gactggagtg ggtctcctac atcagcagca ggtccagcac catctactac 180

gccgacagcg tgaagggcag gttcaccatg agcagggaca acgccaagaa cagcctgtac 240

atgcagatga acagcctgag ggacgaggac accgccgtgt actactgcgg ctacggcgac 300

tacgactact tcgactactg gggccaggga accctggtga ccgtgtcttc c 351

<210> 903

<211> 239

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 LH

<400> 903

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Ile Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Val Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Asn Ser Leu Pro Trp
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser
100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
130 135 140

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr Ser Met Asn Trp Val Arg
145 150 155 160

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser Tyr Ile Ser Ser Arg
165 170 175

Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Met
180 185 190

Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Met Gln Met Asn Ser Leu
195 200 205

Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Gly Tyr Gly Asp Tyr Asp

210 215 220

Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

225 230 235

<210> 904

<211> 717

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 LH

<400> 904

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgatc 60

atcacctgca gagcttccca gggcatctct agctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct catctatgct gcttccagcc tgaagtccgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggctc cggcacagac ttcaccgtga ccatcagcag cctgcagccc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag agcaacagcc tgccctggac cttcggccag 300

ggcaccaagg tggagatcaa gggtggtggt ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt 360

ggttctgagg tgcagctggt cgagtctggc ggaggactgg tgcagccagg cggcagcctg 420

agactgtcct gtgctgcttc tggattcacc ttcagcaggt acagcatgaa ctgggtccgc 480

caggctcctg gtaaaggact ggagtgggtc tcctacatca gcagcaggtc cagcaccatc 540

tactacgccg acagcgtgaa gggcaggttc accatgagca gggacaacgc caagaacagc 600

ctgtacatgc agatgaacag cctgagggac gaggacaccg ccgtgtacta ctgcggctac 660

ggcgactacg actacttcga ctactggggc cagggaaccc tggtgaccgt gtcttcc 717

<210> 905

<211> 493

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> MET-7 LH x I2C HL

<400> 905

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Val Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Ile Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Trp

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Ser Leu Lys Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Val Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Asn Ser Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly Gly Gly Gly Ser

100 105 110

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys

130 135 140

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Arg Tyr Ser Met Asn Trp Val Arg

145 150 155 160

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ser Tyr Ile Ser Ser Arg

165 170 175

Ser Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Met

180 185 190

Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr Met Gln Met Asn Ser Leu

195 200 205

Arg Asp Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Gly Tyr Gly Asp Tyr Asp

210 215 220

Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly

225 230 235 240

Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val

245 250 255

Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr

260 265 270

Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly

275 280 285

Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr
290 295 300
Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp
305 310 315 320
Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp
325 330 335

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr
340 345 350
Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
355 360 365
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
370 375 380
Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
385 390 395 400

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
405 410 415
Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly
420 425 430
Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe
435 440 445
Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val
450 455 460

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn
465 470 475 480
Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
485 490

<210> 906
<211> 1479
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> MET-7 LH x I2C HL
<400> 906

gacatccaga tgacccagag ccccagcagc gtgtctgcca gcgtgggcga cagagtgatc 60

atcacctgca gagcttccca gggcatctct agctggctgg cctggtatca gcagaagccc 120

ggcaaggccc ccaagctgct catctatgct gcttccagcc tgaagtccgg cgtgcccagc 180

agattcagcg gcagcggctc cggcacagac ttcaccgtga ccatcagcag cctgcagccc 240

gaggacttcg ccacctacta ctgccagcag agcaacagcc tgccctggac cttcggccag 300

ggcaccaagg tggagatcaa gggtggtggt ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt 360

ggttctgagg tgcagctggt cgagtctggc ggaggactgg tgcagccagg cggcagcctg 420

agactgtcct gtgctgcttc tggattcacc ttcagcaggt acagcatgaa ctgggtccgc 480

caggctcctg gtaaaggact ggagtgggtc tcctacatca gcagcaggtc cagcaccatc 540

tactacgccg acagcgtgaa gggcaggttc accatgagca gggacaacgc caagaacagc 600

ctgtacatgc agatgaacag cctgagggac gaggacaccg ccgtgtacta ctgcggctac 660

ggcgactacg actacttcga ctactggggc cagggaaccc tggtgaccgt gtcttccgga 720

ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag tctggaggag gattggtgca gcctggaggg 780

tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg 840

gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa tgggttgctc gcataagaag taaatataat 900

aattatgcaa catattatgc cgattcagtg aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat 960

tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac 1020

tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat agctacatat cctactgggc ttactggggc 1080

caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt 1140

ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga 1200

acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac 1260

tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc 1320

gcccccggta ctcctgccag attctcaggc tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc 1380

ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca gaatattact gtgttctatg gtacagcaac 1440

cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg actgtccta 1479

<210> 907

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENSI L-CDR1

<400> 907

Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala

1 5 10

<210> 908

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENSI L-CDR2

<400> 908

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1 5

<210> 909

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> ENSI L-CDR3

<400> 909

Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr

1 5 10

<210> 910

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENSI H-CDR1

<400> 910

Asp Tyr Val Ile His

1 5

<210> 911

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENSI H-CDR2

<400> 911

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 912

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENSI H-CDR3

<400> 912

Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 913

<211> 2298

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Human endosialin

<400> 913

atgctgctgc gcctgttgct ggcctgggcg gccgcagggc ccacactggg ccaggacccc 60

tgggctgctg agccccgtgc cgcctgcggc cccagcagct gctacgctct cttcccacgg 120

cgccgcacct tcctggaggc ctggcgggcc tgccgcgagc tgggggggcga cctggccact 180

cctcggaccc ccgaggaggc ccagcgtgtg gacagcctgg tgggtgcggg cccagccagc 240

cggctgctgt ggatcgggct gcagcggcag gcccggcaat gccagctgca gcgcccactg 300

cgcggcttca cgtggaccac aggggaccag gacacggctt tcaccaactg ggcccagcca 360

gcctctggag gcccctgccc ggcccagcgc tgtgtggccc tggaggcaag tggcgagcac 420

cgctggctgg agggctcgtg cacgctggct gtcgacggct acctgtgcca gtttggcttc 480

gagggcgcct gcccggcgct gcaagatgag gcgggccagg ccggcccagc cgtgtatacc 540

acgcccttcc acctggtctc cacagagttt gagtggctgc ccttcggctc tgtggccgct 600

gtgcagtgcc aggctggcag gggagcctct ctgctctgcg tgaagcagcc tgagggaggt 660

gtgggctggt cacgggctgg gcccctgtgc ctggggactg gctgcagccc tgacaacggg 720

ggctgcgaac acgaatgtgt ggaggaggtg gatggtcacg tgtcctgccg ctgcactgag 780

ggcttccggc tggcagcaga cgggcgcagt tgcgaggacc cctgtgccca ggctccgtgc 840

gagcagcagt gtgagcccgg tgggccacaa ggctacagct gccactgtcg cctgggtttc 900

cggccagcgg aggatgatcc gcaccgctgt gtggacacag atgagtgcca gattgccggt 960

gtgtgccagc agatgtgtgt caactacgtt ggtggcttcg agtgttattg tagcgaggga 1020

catgagctgg aggctgatgg catcagctgc agccctgcag gggccatggg tgcccaggct 1080

tcccaggacc tcggagatga gttgctggat gacggggagg atgaggaaga tgaagacgag 1140

gcctggaagg ccttcaacgg tggctggacg gagatgcctg ggatcctgtg gatggagcct 1200

acgcagccgc ctgactttgc cctggcctat agaccgagct tcccagagga cagagagcca 1260

cagataccct acccggagcc cacctggcca cccccgctca gtgcccccag ggtcccctac 1320

cactcctcag tgctctccgt cacccggcct gtggtggtct ctgccacgca tcccacactg 1380

ccttctgccc accagcctcc tgtgatccct gccacacacc cagctttgtc ccgtgaccac 1440

cagatccccg tgatcgcagc caactatcca gatctgcctt ctgcctacca acccggtatt 1500

ctctctgtct ctcattcagc acagcctcct gcccaccagc cccctatgat ctcaaccaaa 1560

tatccggagc tcttccctgc ccaccagtcc cccatgtttc cagacacccg ggtcgctggc 1620

acccagacca ccactcattt gcctggaatc ccacctaacc atgcccctct ggtcaccacc 1680

ctcggtgccc agctaccccc tcaagcccca gatgcccttg tcctcagaac ccaggccacc 1740

cagcttccca ttatcccaac tgcccagccc tctctgacca ccacctccag gtcccctgtg 1800

tctcctgccc atcaaatctc tgtgcctgct gccacccagc ccgcagccct ccccaccctc 1860

ctgccctctc agagccccac taaccagacc tcacccatca gccctacaca tccccattcc 1920

aaagcccccc aaatcccaag ggaagatggc cccagtccca agttggccct gtggctgccc 1980

tcaccagctc ccacagcagc cccaacagcc ctgggggagg ctggtcttgc cgagcacagc 2040

cagagggatg accggtggct gctggtggca ctcctggtgc caacgtgtgt ctttttggtg 2100

gtcctgcttg cactgggcat cgtgtactgc acccgctgtg gcccccatgc acccaacaag 2160

cgcatcactg actgctatcg ctgggtcatc catgctggga gcaagagccc aacagaaccc 2220

atgcccccca ggggcagcct cacaggggtg cagacctgca gaaccagcgt ggactacaaa 2280

gatgatgacg ataagtga 2298

<210> 914

<211> 765

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Human endosialin

<400> 914

Met Leu Leu Arg Leu Leu Leu Ala Trp Ala Ala Ala Gly Pro Thr Leu

1 5 10 15

Gly Gln Asp Pro Trp Ala Ala Glu Pro Arg Ala Ala Cys Gly Pro Ser

20 25 30

Ser Cys Tyr Ala Leu Phe Pro Arg Arg Arg Thr Phe Leu Glu Ala Trp

35 40 45

Arg Ala Cys Arg Glu Leu Gly Gly Asp Leu Ala Thr Pro Arg Thr Pro

50 55 60

Glu Glu Ala Gln Arg Val Asp Ser Leu Val Gly Ala Gly Pro Ala Ser

65 70 75 80

Arg Leu Leu Trp Ile Gly Leu Gln Arg Gln Ala Arg Gln Cys Gln Leu

85 90 95

Gln Arg Pro Leu Arg Gly Phe Thr Trp Thr Thr Gly Asp Gln Asp Thr

100 105 110

Ala Phe Thr Asn Trp Ala Gln Pro Ala Ser Gly Gly Pro Cys Pro Ala

115 120 125

Gln Arg Cys Val Ala Leu Glu Ala Ser Gly Glu His Arg Trp Leu Glu

130 135 140

Gly Ser Cys Thr Leu Ala Val Asp Gly Tyr Leu Cys Gln Phe Gly Phe

145 150 155 160

Glu Gly Ala Cys Pro Ala Leu Gln Asp Glu Ala Gly Gln Ala Gly Pro

165 170 175

Ala Val Tyr Thr Thr Pro Phe His Leu Val Ser Thr Glu Phe Glu Trp

180 185 190

Leu Pro Phe Gly Ser Val Ala Ala Val Gln Cys Gln Ala Gly Arg Gly

195 200 205

Ala Ser Leu Leu Cys Val Lys Gln Pro Glu Gly Gly Val Gly Trp Ser

210 215 220

Arg Ala Gly Pro Leu Cys Leu Gly Thr Gly Cys Ser Pro Asp Asn Gly

225 230 235 240

Gly Cys Glu His Glu Cys Val Glu Glu Val Asp Gly His Val Ser Cys

245 250 255

Arg Cys Thr Glu Gly Phe Arg Leu Ala Ala Asp Gly Arg Ser Cys Glu

260 265 270

Asp Pro Cys Ala Gln Ala Pro Cys Glu Gln Gln Cys Glu Pro Gly Gly

275 280 285

Pro Gln Gly Tyr Ser Cys His Cys Arg Leu Gly Phe Arg Pro Ala Glu

290 295 300

Asp Asp Pro His Arg Cys Val Asp Thr Asp Glu Cys Gln Ile Ala Gly

305 310 315 320

Val Cys Gln Gln Met Cys Val Asn Tyr Val Gly Gly Phe Glu Cys Tyr

325 330 335

Cys Ser Glu Gly His Glu Leu Glu Ala Asp Gly Ile Ser Cys Ser Pro

340 345 350

Ala Gly Ala Met Gly Ala Gln Ala Ser Gln Asp Leu Gly Asp Glu Leu

355 360 365

Leu Asp Asp Gly Glu Asp Glu Glu Asp Glu Asp Glu Ala Trp Lys Ala

370 375 380

Phe Asn Gly Gly Trp Thr Glu Met Pro Gly Ile Leu Trp Met Glu Pro

385 390 395 400

Thr Gln Pro Pro Asp Phe Ala Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Glu

405 410 415

Asp Arg Glu Pro Gln Ile Pro Tyr Pro Glu Pro Thr Trp Pro Pro Pro

420 425 430

Leu Ser Ala Pro Arg Val Pro Tyr His Ser Ser Val Leu Ser Val Thr

435 440 445

Arg Pro Val Val Val Ser Ala Thr His Pro Thr Leu Pro Ser Ala His

450 455 460

Gln Pro Pro Val Ile Pro Ala Thr His Pro Ala Leu Ser Arg Asp His

465 470 475 480

Gln Ile Pro Val Ile Ala Ala Asn Tyr Pro Asp Leu Pro Ser Ala Tyr

485 490 495

Gln Pro Gly Ile Leu Ser Val Ser His Ser Ala Gln Pro Pro Ala His

500 505 510

Gln Pro Pro Met Ile Ser Thr Lys Tyr Pro Glu Leu Phe Pro Ala His
515 520 525
Gln Ser Pro Met Phe Pro Asp Thr Arg Val Ala Gly Thr Gln Thr Thr
530 535 540
Thr His Leu Pro Gly Ile Pro Pro Asn His Ala Pro Leu Val Thr Thr

545 550 555 560
Leu Gly Ala Gln Leu Pro Pro Gln Ala Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg
565 570 575
Thr Gln Ala Thr Gln Leu Pro Ile Ile Pro Thr Ala Gln Pro Ser Leu
580 585 590
Thr Thr Thr Ser Arg Ser Pro Val Ser Pro Ala His Gln Ile Ser Val
595 600 605
Pro Ala Ala Thr Gln Pro Ala Ala Leu Pro Thr Leu Leu Pro Ser Gln

610 615 620
Ser Pro Thr Asn Gln Thr Ser Pro Ile Ser Pro Thr His Pro His Ser
625 630 635 640
Lys Ala Pro Gln Ile Pro Arg Glu Asp Gly Pro Ser Pro Lys Leu Ala
645 650 655
Leu Trp Leu Pro Ser Pro Ala Pro Thr Ala Ala Pro Thr Ala Leu Gly
660 665 670
Glu Ala Gly Leu Ala Glu His Ser Gln Arg Asp Asp Arg Trp Leu Leu

675 680 685
Val Ala Leu Leu Val Pro Thr Cys Val Phe Leu Val Val Leu Leu Ala
690 695 700
Leu Gly Ile Val Tyr Cys Thr Arg Cys Gly Pro His Ala Pro Asn Lys
705 710 715 720
Arg Ile Thr Asp Cys Tyr Arg Trp Val Ile His Ala Gly Ser Lys Ser
725 730 735
Pro Thr Glu Pro Met Pro Pro Arg Gly Ser Leu Thr Gly Val Gln Thr

740 745 750
Cys Arg Thr Ser Val Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys

755 760 765

<210> 915

<211> 2298

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Macaque endosialin

<400> 915

atgctgctgc gcctgttgct ggcctgggcg gccgcagggc ccacactggg ccaggacccc 60

tgggctgctg agccccgctc cgcctgcggc cccagcagct gctacgctct ctttccacgg 120

cgccgcacct ttctggaggc ctggcgggcc tgccgcgagc tgggggggcga cctggccact 180

cctcggaccc ccgaggaggc ccagcgtgtg gacaacctgg tgggtgcagg cccggccagc 240

cggctgctgt ggatcggcct gcagcggcag gcccggcaat gccagctgca gcgcccactg 300

cgaggcttca cgtggaccac aggggaccag gacacggctt tcaccaactg ggcccagcca 360

gccactggag gcccctgccc ggcccagcgc tgtgtggccc tggaggcgag tggcgagcac 420

cgctggctgg agggctcatg cacgctggct gtcgacggct acttgtgcca gtttggcttc 480

gagggtgcct gcccagcgct gcaagacgaa gcgggccagg ccggcccagc cgtctatacc 540

acgcccttcc acctggtctc cacagagttt gagtggctac ccttcggctc tgtggccgct 600

gtgcagtgcc aggctggcag gggagcctct ctgctctgcg tgaagcagcc cgagggaggt 660

gtgggctggt cacgggcagg gcccctgtgc ctgggggctg gctgcagccc tgacaacggg 720

ggctgcgaac acgaatgtgt ggaggaggtg gatggtcacg tgtcctgccg ctgcactgag 780

ggcttccggc tggcagcaga cgggcgcagt tgcgaggatc cctgtgccca ggctccatgc 840

gagcagcagt gtgagcccgg tgggccacaa ggctacagct gccactgtcg cctgggtttc 900

cgacctgcag aggatgatcc gcaccgctgt gtggacacag atgagtgcca gattgccggt 960

gtgtgccagc agatgtgtgt caactacgtt ggtggcttcg agtgttattg tagtgagggt 1020

catgagctgg aggctgatgg catcagctgc agccctgcag gggccatggg tgcccgggct 1080

tcccaggacc tcggagatga gttgctggat gatggggagg atgaggaaga tgaagacgag 1140

gcctgggagg cctttggcgg tggctggacg gagatgcctg ggatcctgtg gatggagcct 1200

actcagccgc ctgactttgc cctggcctat agaccgagct tcccagagga cagagagcca 1260

cagataccct acccggagcc cacctggccg cccccgctca gtgccccccag ggtcccctac 1320

cactcctcag tgctctccgt cacccggcct gtggtggtct ctgccacgcg ccccacactg 1380

ccttccgccc accagcctcc tgtgatccct gccacacacc cagctttgtc ccgtgaccac 1440

cagatccccg tgatcgcagc caactatcca gatctgcctt ctgcctacca acccggtatt 1500

ctctctgtct ctcatccagc acagcccccc gcccaccagc cccccatgat ctcaaccaga 1560

tatcctgagc tgttccctgc ccaccagtcc cccatgtttc cagacaccca ggtcgctggc 1620

acccagacca ccactcattt gcctgcaatc ccacctaacc gtgcccctct ggtcaccaca 1680

ctcggtgccc atcaaccccc tcaagcccca gatgcccctg tcctcagaac ccaggctacc 1740

cagcttccca ttatccctac tgcccagccg tctctgacca ccagctccag gtcccctgtg 1800

tctcctgccc atcaagtctc tgtgcctgct gccacccagc ccccagccct ccccaccctc 1860

ctgccctctc agagccccac taaccagacc tcacccatca gccctacaca tccccattcc 1920

aaagtccccc aaatcccaag ggaagatggc cccagtccca agctggccct gtggctgccc 1980

tcagcagctc ccacagcagc cccaacagcc ctgggggagg ctagtcttgc cgagcacatc 2040

cagagggatg accggtggct tctggtggca ctcctcgtgc caacgtgtgt ctttttggtg 2100

gtcctgcttg cactgggcat tgtgtactgc acccgctgtg gcccccatgc acccaacaag 2160

cgcatcactg actgctatcg ctgggtcacc catgctggga gcaagagtcc aacagaaccc 2220

atgccccca ggggcagcct cacaggggtg cagacctgca gaaccagcgt ggactacaaa 2280

gatgatgacg ataagtga 2298

<210> 916

<211> 765

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Macaque endosialin

<400> 916

Met Leu Leu Arg Leu Leu Leu Ala Trp Ala Ala Ala Gly Pro Thr Leu
1 5 10 15

Gly Gln Asp Pro Trp Ala Ala Glu Pro Arg Ser Ala Cys Gly Pro Ser
20 25 30

Ser Cys Tyr Ala Leu Phe Pro Arg Arg Arg Thr Phe Leu Glu Ala Trp
35 40 45

Arg Ala Cys Arg Glu Leu Gly Gly Asp Leu Ala Thr Pro Arg Thr Pro
50 55 60

Glu Glu Ala Gln Arg Val Asp Asn Leu Val Gly Ala Gly Pro Ala Ser
65 70 75 80

Arg Leu Leu Trp Ile Gly Leu Gln Arg Gln Ala Arg Gln Cys Gln Leu

85 90 95

Gln Arg Pro Leu Arg Gly Phe Thr Trp Thr Thr Gly Asp Gln Asp Thr

100 105 110

Ala Phe Thr Asn Trp Ala Gln Pro Ala Thr Gly Gly Pro Cys Pro Ala

115 120 125

Gln Arg Cys Val Ala Leu Glu Ala Ser Gly Glu His Arg Trp Leu Glu

130 135 140

Gly Ser Cys Thr Leu Ala Val Asp Gly Tyr Leu Cys Gln Phe Gly Phe

145 150 155 160

Glu Gly Ala Cys Pro Ala Leu Gln Asp Glu Ala Gly Gln Ala Gly Pro

165 170 175

Ala Val Tyr Thr Thr Pro Phe His Leu Val Ser Thr Glu Phe Glu Trp

180 185 190

Leu Pro Phe Gly Ser Val Ala Ala Val Gln Cys Gln Ala Gly Arg Gly

195 200 205

Ala Ser Leu Leu Cys Val Lys Gln Pro Glu Gly Gly Val Gly Trp Ser

210 215 220

Arg Ala Gly Pro Leu Cys Leu Gly Ala Gly Cys Ser Pro Asp Asn Gly

225 230 235 240

Gly Cys Glu His Glu Cys Val Glu Glu Val Asp Gly His Val Ser Cys

245 250 255

Arg Cys Thr Glu Gly Phe Arg Leu Ala Ala Asp Gly Arg Ser Cys Glu

260 265 270

Asp Pro Cys Ala Gln Ala Pro Cys Glu Gln Gln Cys Glu Pro Gly Gly

275 280 285

Pro Gln Gly Tyr Ser Cys His Cys Arg Leu Gly Phe Arg Pro Ala Glu

290 295 300

Asp Asp Pro His Arg Cys Val Asp Thr Asp Glu Cys Gln Ile Ala Gly

305 310 315 320

Val Cys Gln Gln Met Cys Val Asn Tyr Val Gly Gly Phe Glu Cys Tyr

325 330 335

Cys Ser Glu Gly His Glu Leu Glu Ala Asp Gly Ile Ser Cys Ser Pro
340 345 350
Ala Gly Ala Met Gly Ala Arg Ala Ser Gln Asp Leu Gly Asp Glu Leu

355 360 365
Leu Asp Asp Gly Glu Asp Glu Glu Asp Glu Asp Glu Ala Trp Glu Ala
370 375 380
Phe Gly Gly Gly Trp Thr Glu Met Pro Gly Ile Leu Trp Met Glu Pro
385 390 395 400
Thr Gln Pro Pro Asp Phe Ala Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Glu
405 410 415
Asp Arg Glu Pro Gln Ile Pro Tyr Pro Glu Pro Thr Trp Pro Pro Pro

420 425 430
Leu Ser Ala Pro Arg Val Pro Tyr His Ser Ser Val Leu Ser Val Thr
435 440 445
Arg Pro Val Val Val Ser Ala Thr Arg Pro Thr Leu Pro Ser Ala His
450 455 460
Gln Pro Pro Val Ile Pro Ala Thr His Pro Ala Leu Ser Arg Asp His
465 470 475 480
Gln Ile Pro Val Ile Ala Ala Asn Tyr Pro Asp Leu Pro Ser Ala Tyr

485 490 495
Gln Pro Gly Ile Leu Ser Val Ser His Pro Ala Gln Pro Pro Ala His
500 505 510
Gln Pro Pro Met Ile Ser Thr Arg Tyr Pro Glu Leu Phe Pro Ala His
515 520 525
Gln Ser Pro Met Phe Pro Asp Thr Gln Val Ala Gly Thr Gln Thr Thr
530 535 540
Thr His Leu Pro Ala Ile Pro Pro Asn Arg Ala Pro Leu Val Thr Thr

545 550 555 560
Leu Gly Ala His Gln Pro Pro Gln Ala Pro Asp Ala Pro Val Leu Arg
565 570 575
Thr Gln Ala Thr Gln Leu Pro Ile Ile Pro Thr Ala Gln Pro Ser Leu

580 585 590

Thr Thr Ser Ser Arg Ser Pro Val Ser Pro Ala His Gln Val Ser Val

595 600 605

Pro Ala Ala Thr Gln Pro Pro Ala Leu Pro Thr Leu Leu Pro Ser Gln

610 615 620

Ser Pro Thr Asn Gln Thr Ser Pro Ile Ser Pro Thr His Pro His Ser

625 630 635 640

Lys Val Pro Gln Ile Pro Arg Glu Asp Gly Pro Ser Pro Lys Leu Ala

645 650 655

Leu Trp Leu Pro Ser Ala Ala Pro Thr Ala Ala Pro Thr Ala Leu Gly

660 665 670

Glu Ala Ser Leu Ala Glu His Ile Gln Arg Asp Asp Arg Trp Leu Leu

675 680 685

Val Ala Leu Leu Val Pro Thr Cys Val Phe Leu Val Val Leu Leu Ala

690 695 700

Leu Gly Ile Val Tyr Cys Thr Arg Cys Gly Pro His Ala Pro Asn Lys

705 710 715 720

Arg Ile Thr Asp Cys Tyr Arg Trp Val Thr His Ala Gly Ser Lys Ser

725 730 735

Pro Thr Glu Pro Met Pro Pro Arg Gly Ser Leu Thr Gly Val Gln Thr

740 745 750

Cys Arg Thr Ser Val Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys

755 760 765

<210> 917

<211> 40

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Forward primer

<400> 917

atatgaattc gccaccatgc tgctgcgcct gttgctggcc 40

<210> 918

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Reverse primer

<400> 918

gtcttcatct tcctcatcct cccc 24

<210> 919

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Forward primer

<400> 919

gtcaactacg ttggtggctt cgagtg 26

<210> 920

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Reverse primer

<400> 920

ggtctagatc acttatcgtc atcatctttg tagtccacgc tggttctgca ggtctgc 57

<210> 921

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 5'ED-VH-A-XhoI

<400> 921

ccagctctcg agtcaggasc tgagstgrwg aagcctgggg cttcagtgaa grtgtcctgc 60

aaggcttctg gatacacatt cact 84

<210> 922

<211> 81

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 3'ED-VH-B

<400> 922

aatatatccm atccactcaa ggckctktcc akktsyctgc ytcayccagt gtataacata 60

gtcagtgaat gtgtatccag a 81

<210> 923

<211> 66

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 5'ED-VH-C

<400> 923

cttgagtgga tkggatatat taatccttat gatgatgata ctacctacaa ccagaagttc 60

aagggc 66

<210> 924

<211> 70

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 3'ED-VH-D

<400> 924

tgagctscat gtaggctgtg ytggmggatk tgwctmsagt mawtgtgrcc yggcccttga 60

acttctggtt 70

<210> 925

<211> 70

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 5'ED-VH-E

<400> 925

cacagcctac atgsaactca rcagcctgas atctgaggac actgcagtct attactgtgc 60

aagaaggggg 70

<210> 926

<211> 87

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 3'ED-VH-F-BstEII

<400> 926

cctgatggtg accaaggttc cttgacccca gtagtccata gaatagtcga agtaaccatc 60

ataggagttc ccccttcttg cacagta 87

<210> 927

<211> 83

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 5'ED-VL-A-SacI

<220><221> misc_feature

<222> (64)..(65)

<223> n is a, c, g, or t

<400> 927

ccagtcgagc tccagctgac ccagtctcma armttcmtgt ccrcatcagt aggagacaga 60

gtcnnsatca cctgcagggc cag 83

<210> 928

<211> 63

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 3'ED-VL-B

<400> 928

tcctggtttc tgttgatacc aggctacagc agtacccaca ttctgactgg ccctgcaggt 60

gat 63

<210> 929

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 5'ED-VL-C

<400> 929

tatcaacaga aaccaggama akcccctaaa ttactgattt actcggcatc gaatcggtac 60

actggagtcc ct 72

<210> 930

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 3'ED-VL-D

<400> 930

gctgatggtg agagtgaamt ctgtcccaga tccactgcct gagaagcgay yagggactcc 60

agtgtaccg 69

<210> 931

<211> 69

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 5'ED-VL-E

<400> 931

ttcactctca ccatcagcar tmtgcagyct gaagacytsg carmttattw ctgccagcaa 60

tataccaac 69

<210> 932

<211> 81

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Primer 3'ED-VL-F-BsiWI/SpeI

<400> 932

cctgatacta gtcgtacgtt ttatttccag cttggtcccc tgtccaaacg tatacatggg 60

atagttggta tattgctggc a 81

<210> 933

<211> 8

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Flag-tag

<400> 933

dykddddk 8

<210> 934

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 VL

<400> 934

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 935

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LCDR1

<400> 935

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 936

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LCDR2

<400> 936

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 937

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LCDR3

<400> 937

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 938

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 VL

<400> 938

gagctcgtga tgacacagtc tccatcctcc ctgactgtga cagcaggaga gaaggtcact 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagcctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg gaacagattt cactctcacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacctggca gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtgctgg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 939

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 HL

<400> 939

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Asn

20 25 30

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 940

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 HCDR1

<400> 940

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 941

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 HCDR2

<400> 941

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 942

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 HCDR3

<400> 942

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 943

<211> 360

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 HL

<400> 943

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

atatcctgca aggcttctgg atacgccttc actaactact ggctaggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggacttga gtggattgga gatattttcc ctggaagtgg taatatccac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaagccaca ctgactgcag acaaatcttc gagcacagcc 240

tatatgcagc tcagtagcct gacatttgag gactctgctg tctatttctg tgcaagactg 300

aggaactggg acgagcctat ggactactgg ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc 360

<210> 944

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LH x I2C HL

<400> 944

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Asn

145 150 155 160

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

165 170 175

Ile Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys

180 185 190

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala

195 200 205

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

210 215 220

Cys Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu
465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 945

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LH x I2C HL

<400> 945

gagctcgtga tgacacagtc tccatcctcc ctgactgtga cagcaggaga gaaggtcact 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagcctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg gaacagattt cactctcacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacctggca gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtgctgg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctgaggtg cagctgctcg agcagtctgg agctgagctg 420

gtaaggcctg ggacttcagt gaagatatcc tgcaaggctt ctggatacgc cttcactaac 480

tactggctag gttgggtaaa gcagaggcct ggacatggac ttgagtggat tggagatatt 540

ttccctggaa gtggtaatat ccactacaat gagaagttca agggcaaagc cacactgact 600

gcagacaaat cttcgagcac agcctatatg cagctcagta gcctgacatt tgaggactct 660

gctgtctatt tctgtgcaag actgaggaac tgggacgagc ctatggacta ctggggccaa 720

gggaccacgg tcaccgtctc ctccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 946

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LH x H2C HL

<400> 946

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Asn

145 150 155 160

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

165 170 175

Ile Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys

180 185 190

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala

195 200 205

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

210 215 220

Cys Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 947

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LH x H2C HL

<400> 947

gagctcgtga tgacacagtc tccatcctcc ctgactgtga cagcaggaga gaaggtcact 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagcctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg gaacagattt cactctcacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacctggca gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtgctgg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctgaggtg cagctgctcg agcagtctgg agctgagctg 420

gtaaggcctg ggacttcagt gaagatatcc tgcaaggctt ctggatacgc cttcactaac 480

tactggctag gttgggtaaa gcagaggcct ggacatggac ttgagtggat tggagatatt 540

ttccctggaa gtggtaatat ccactacaat gagaagttca agggcaaagc cacactgact 600

gcagacaaat cttcgagcac agcctatatg cagctcagta gcctgacatt tgaggactct 660

gctgtctatt tctgtgcaag actgaggaac tgggacgagc ctatggacta ctggggccaa 720

gggaccacgg tcaccgtctc ctccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggctacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ctctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 948

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LH x F12Q HL

<400> 948

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly
1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
130 135 140

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Asn

145 150 155 160

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
165 170 175

Ile Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys
180 185 190

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala
195 200 205

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Val Tyr Phe

210 215 220

Cys Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 949

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Ep 5-10 LH x F12Q HL

<400> 949

gagctcgtga tgacacagtc tccatcctcc ctgactgtga cagcaggaga gaaggtcact 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagcctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg gaacagattt cactctcacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacctggca gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtgctgg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctgaggtg cagctgctcg agcagtctgg agctgagctg 420

gtaaggcctg ggacttcagt gaagatatcc tgcaaggctt ctggatacgc cttcactaac 480

tactggctag gttgggtaaa gcagaggcct ggacatggac ttgagtggat tggagatatt 540

ttccctggaa gtggtaatat ccactacaat gagaagttca agggcaaagc cacactgact 600

gcagacaaat cttcgagcac agcctatatg cagctcagta gcctgacatt tgaggactct 660

gctgtctatt tctgtgcaag actgaggaac tgggacgagc ctatggacta ctggggccaa 720

gggaccacgg tcaccgtctc ctccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata gctacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

ggcaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacgtttcct ggtgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 950

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 L

<400> 950

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 951

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 LCDR1

<400> 951

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 952

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 LCDR2

<400> 952

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 953

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 LCDR3

<400> 953

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 954

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 L

<400> 954

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagcagtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 955

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 H

<400> 955

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 956

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 HCDR1

<400> 956

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 957

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 HCDR2

<400> 957

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 958

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 HCDR3

<400> 958

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr
1 5 10

<210> 959

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 H

<400> 959

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaagata 60
tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120
cctggacagg gacttgagtg gattggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180
aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240
atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300
aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 960

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 LH x I2C HL

<400> 960

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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

> 961

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A1 LH x I2C HL

<400> 961

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagcagtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa gatatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggattgg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 962

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 L

<400> 962

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 963

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 LCDR1

<400

> 963

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 964

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 LCDR2

<400> 964

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 965

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 LCDR3

<400> 965

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210

> 966

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 L

<400> 966

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 967

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 H

<400> 967

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 968

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 HCDR1

<400> 968

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 969

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 HCDR2

<400> 969

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 970

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 HCDR3

<400> 970

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 971

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 H

<400> 971

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 972

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 LH x I2C HL

<400> 972

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 973

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D2 LH x I2C HL

<400> 973

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 974

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 L

<400> 974

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 975

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 LCDR1

<400> 975

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 976

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 LCDR2

<400> 976

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 977

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 LCDR3

<400> 977

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 978

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 L

<400> 978

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gccggcctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 979

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 H

<400> 979

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 980

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 HCDR1

<400> 980

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 981

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 HCDR2

<400> 981

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 982

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 HCDR3

<400> 982

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 983

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 H

<400> 983

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag ctgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcagacg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgag atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 984

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 LH x I2C HL

<400> 984

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30
Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160
Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175
Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 985

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H8 LH x I2C HL

<400> 985

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gccggcctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgagctgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca gacgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgagatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 986

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 L

<400> 986

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 987

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 LCDR1

<400> 987

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 988

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 LCDR2

<400> 988

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 989

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 LCDR3

<400> 989

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 990

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 L

<400> 990

gacatcgtga tgacacagac tccattctcc ctgactgtga caccaggaga gacggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 991

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 H

<400> 991

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Phe Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 992

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 HCDR1

<400> 992

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 993

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 HCDR2

<400> 993

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 994

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 HCDR3

<400> 994

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 995

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 H

<400> 995

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag ctggtaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gattggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcaa agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgag atttgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 996

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 LH x I2C HL

<400> 996

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30
Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ser
130 135 140
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160
Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
165 170 175
Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190
Lys Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Phe Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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

> 997

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-A6 LH x I2C HL

<400> 997

gacatcgtga tgacacagac tccattctcc ctgactgtga caccaggaga gacggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgagctggta 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggattgg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcaaagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgagatttga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 998

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 L

<400> 998

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30
Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80
Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys

<210> 999

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 LCDR1

<400

> 999

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15
Thr

<210> 1000

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 LCDR2

<400> 1000

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1001

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 LCDR3

<400> 1001

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1002

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 L

<400> 1002

gacatcgtga tgacacagac tccattctcc ctgactgtga caccaggaga gccggcctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggca gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1003

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 H

<400> 1003

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1004

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 HCDR1

<400> 1004

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 1005

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 HCDR2

<400> 1005

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1006

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 HCDR3

<

400> 1006

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1007

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 H

<400> 1007

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag ctgaaaaagc ctgggtcttc agtgaagata 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacactc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1008

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 LH x I2C HL

<400> 1008

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Lys Lys Pro Gly Ser

130 135 140

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1009

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-D1 LH x I2C HL

<400> 1009

gacatcgtga tgacacagac tccattctcc ctgactgtga caccaggaga gccggcctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggca gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgagctgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa gatatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac actcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1010

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 L

<400> 1010

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1011

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 LCDR1

<400> 1011

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Thr

<210> 1012

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 LCDR2

<400> 1012

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210

> 1013

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 LCDR3

<400> 1013

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1014

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 L

<400> 1014

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1015

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 H

<400> 1015

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1016

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 HCDR1

<400> 1016

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1017

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 HCDR2

<400> 1017

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1018

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 HCDR3

<400> 1018

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1019

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 H

<400> 1019

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agccacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1020

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 LH x I2C HL

<400> 1020

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80
Ile Ser Arg Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

130 135 140
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160
Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175
Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1021

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-G6 LH x I2C HL

<400> 1021

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagccac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1022

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 L

<400> 1022

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Thr Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys

<210> 1023

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 LCDR1

<400> 1023

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Thr

<210> 1024

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 LCDR2

<400> 1024

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1025

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 LCDR3

<400> 1025

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1026

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 L

<400> 1026

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gacggcctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1027

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 H

<400> 1027

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1028

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 HCDR1

<400> 1028

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1029

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 HCDR2

<400> 1029

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1030

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 HCDR3

<400> 1030

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1031

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 H

<400> 1031

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtggtaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1032

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 LH x I2C HL

<400> 1032

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80
Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ser
130 135 140
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160
Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1033

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 14-H4 LH x I2C HL

<400> 1033

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gacggcctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtggta 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1034

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 L

<400> 1034

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1035

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 LCDR1

<400> 1035

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1036

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 LCDR2

<400> 1036

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1037

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 LCDR3

<400> 1037

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1038

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 L

<400> 1038

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1039

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 H

<400> 1039

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser 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 Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1040

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 HCDR1

<400> 1040

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1041

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 HCDR2

<400> 1041

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1042

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 HCDR3

<400> 1042

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1043

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 H

<400> 1043

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaggc ctgggtcttc agtgaagata 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaagcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccccg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct atttctgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1044

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 LH x I2C HL

<400> 1044

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ser

130 135 140

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1045

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-A6 LH x I2C HL

<400> 1045

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aggcctgggt cttcagtgaa gatatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaagca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cccggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctatttct gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1046

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 L

<400> 1046

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1047

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 LCDR1

<400> 1047

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1048

<211> 7

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 LCDR2

<400> 1048

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1049

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 LCDR3

<400> 1049

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1050

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 L

<400> 1050

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaac 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1051

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 H

<400> 1051

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly His Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1052

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 HCDR1

<400> 1052

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1053

<211> 17

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 HCDR2

<400> 1053

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1054

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 HCDR3

<400> 1054

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1055

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 H

<400> 1055

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaagcaggcg 120

cctggacatg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgag atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1056

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 LH x I2C HL

<400> 1056

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160
Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly His Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175
Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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

> 1057

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 17-E9 LH x I2C HL

<400> 1057

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct aaactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaac 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaagca ggcgcctgga catggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgagatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1058

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 L

<400> 1058

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn
65 70 75 80
Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys

<210> 1059
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> hEp 18-A6 LCDR1
<400
> 1059
Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15
Thr

<210> 1060
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> hEp 18-A6 LCDR2
<400> 1060
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser
1 5
<210> 1061
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 LCDR3

<400> 1061

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1062

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 L

<400> 1062

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaac 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1063

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 H

<400> 1063

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1064

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 HCDR1

<400> 1064

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1065

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 HCDR2

<400> 1065

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1066

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 HCDR3

<

400> 1066

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1067

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-A6 H

<400> 1067

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcagacg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1068

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 L

<400> 1068

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1069

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 LCDR1

<400> 1069

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1070

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 LCDR2

<400> 1070

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210

> 1071

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 LCDR3

<400> 1071

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1072

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 L

<400> 1072

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1073

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 H

<400> 1073

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1074

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 HCDR1

<400> 1074

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1075

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 HCDR2

<400> 1075

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1076

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 HCDR3

<400> 1076

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1077

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 H

<400> 1077

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag ctggtaaggc ctgggtcttc agtgaagata 60

tcctgcaagg cttctggata cgccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacactc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atgcaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1078

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 LH x I2C HL

<400> 1078

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly Ser

130 135 140

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Ser Asn Tyr

145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1079

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-E3 LH x I2C HL

<400> 1079

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgagctggta 420

aggcctgggt cttcagtgaa gatatcctgc aaggcttctg gatacgcctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac actcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatgcaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1080

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 L

<400> 1080

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Pro Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys

<210> 1081

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 LCDR1

<400> 1081

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1082

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 LCDR2

<400> 1082

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1083

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 LCDR3

<400> 1083

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1084

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 L

<400> 1084

gacatcgtga tgacacagac tccaccctcc ctgactgtga cagcaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagcagtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1085

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 H

<400> 1085

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Phe Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1086

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 HCDR1

<400> 1086

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1087

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 HCDR2

<400> 1087

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1088

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 HCDR3

<400> 1088

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1089

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 H

<400> 1089

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaggc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gattggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgag atttgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1090

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 LH x I2C HL

<400> 1090

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Pro Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Phe Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1091

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F11 LH x I2C HL

<400> 1091

gacatcgtga tgacacagac tccaccctcc ctgactgtga cagcaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagcagtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aggcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggattgg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgagatttga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200
tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260
gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320
ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380
cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440
tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500
cta 1503

<210> 1092
<211> 113
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> hEp 18-F12 L
<400> 1092

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly
1 5 10 15
Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30
Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys

<210> 1093
<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 LCDR1

<400> 1093

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1094

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 LCDR2

<400> 1094

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1095

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 LCDR3

<400> 1095

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1096

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 L

<400> 1096

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1097

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 H

<400> 1097

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1098

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 HCDR1

<400> 1098

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1099

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 HCDR2

<400> 1099

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1100

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 HCDR3

<400> 1100

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1101

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 L

<400> 1101

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcagagg 120

cctggacagg gacttgagtg gattggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agccacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgag atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1102

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 LH x I2C HL

<400> 1102

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1103

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-F12 LH x I2C HL

<400> 1103

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca gaggcctgga cagggacttg agtggattgg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagccac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgagatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1104

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 L

<400> 1104

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1105

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 LCDR1

<400> 1105

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1106

<211> 7

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 LCDR2

<400> 1106

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1107

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 LCDR3

<400> 1107

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1108

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 L

<400> 1108

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gacggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1109

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 H

<400> 1109

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Gly Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1110

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 HCDR1

<400> 1110

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 1111

<211> 17

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 HCDR2

<400> 1111

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1112

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 HCDR3

<400> 1112

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1113

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 H

<400> 1113

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtggtaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcagacg 120

cctggacagg gacttgagtg gattggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcaa agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctggg atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1114

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 LH x I2C HL

<400> 1114

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Gly Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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

> 1115

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G1 LH x I2C HL

<400> 1115

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gacggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaca 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtggta 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca gacgcctgga cagggacttg agtggattgg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcaaagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgggatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1116

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 L

<400> 1116

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1117

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 LCDR1

<400

> 1117

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1118

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 LCDR2

<400> 1118

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1119

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 LCDR3

<400> 1119

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1120

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 L

<400> 1120

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1121

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 H

<400> 1121

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1122

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 HCDR1

<400> 1122

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 1123

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 HCDR2

<400> 1123

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1124

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 HCDR3

<

400> 1124

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1125

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 H

<400> 1125

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcagacg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agccacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1126

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 LH x I2C HL

<400> 1126

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1127

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp 18-G9 LH x I2C HL

<400> 1127

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca gacgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagccac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1128

<211> 314

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1128

Met Ala Pro Pro Gln Val Leu Ala Phe Gly Leu Leu Leu Ala Ala Ala
1 5 10 15

Thr Ala Thr Phe Ala Ala Ala Gln Glu Glu Cys Val Cys Glu Asn Tyr
20 25 30

Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Val Asn Asn Asn Arg Gln Cys Gln Cys
35 40 45

Thr Ser Val Gly Ala Gln Asn Thr Val Ile Cys Ser Lys Leu Ala Ala
50 55 60

Lys Cys Leu Val Met Lys Ala Glu Met Asn Gly Ser Lys Leu Gly Arg
65 70 75 80

Arg Ala Lys Pro Glu Gly Ala Leu Gln Asn Asn Asp Gly Leu Tyr Asp
85 90 95

Pro Asp Cys Asp Glu Ser Gly Leu Phe Lys Ala Lys Gln Cys Asn Gly
100 105 110

Thr Ser Thr Cys Trp Cys Val Asn Thr Ala Gly Val Arg Arg Thr Asp
115 120 125

Lys Asp Thr Glu Ile Thr Cys Ser Glu Arg Val Arg Thr Tyr Trp Ile
130 135 140

Ile Ile Glu Leu Lys His Lys Ala Arg Glu Lys Pro Tyr Asp Ser Lys
145 150 155 160

Ser Leu Arg Thr Ala Leu Gln Lys Glu Ile Thr Thr Arg Tyr Gln Leu

165 170 175

Asp Pro Lys Phe Ile Thr Ser Ile Leu Tyr Glu Asn Asn Val Ile Thr
180 185 190
Ile Asp Leu Val Gln Asn Ser Ser Gln Lys Thr Gln Asn Asp Val Asp
195 200 205
Ile Ala Asp Val Ala Tyr Tyr Phe Glu Lys Asp Val Lys Gly Glu Ser
210 215 220
Leu Phe His Ser Lys Lys Met Asp Leu Thr Val Asn Gly Glu Gln Leu
225 230 235 240

Asp Leu Asp Pro Gly Gln Thr Leu Ile Tyr Tyr Val Asp Glu Lys Ala
245 250 255
Pro Glu Phe Ser Met Gln Gly Leu Lys Ala Gly Val Ile Ala Val Ile
260 265 270
Val Val Val Val Ile Ala Val Val Ala Gly Ile Val Val Leu Val Ile
275 280 285
Ser Arg Lys Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu Ile Lys Glu
290 295 300

Met Gly Glu Met His Arg Glu Leu Asn Ala
305 310

<210> 1129
<211> 1528
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<400> 1129
cggcgagcga gcaccttcga cgcggtccgg ggacccccctc gtcgctgtcc tcccgacgcg 60
gacccgcgtg ccccaggcct cgcgctgccc ggccggctcc tcgtgtccca ctcccggcgc 120
acgccctccc gcgagtcccg ggcccctccc gcgcccctct tctcggcgcg cgcgcagcat 180
ggcgcccccg caggtcctcg cgttcgggct tctgcttgcc gcggcgacgg cgacttttgc 240
cgcagctcag gaagaatgtg tctgtgaaaa ctacaagctg gccgtaaact gctttgtgaa 300

taataatcgt caatgccagt gtacttcagt tggtgcacaa aatactgtca tttgctcaaa 360
gctggctgcc aaatgtttgg tgatgaaggc agaaatgaat ggctcaaaac ttgggagaag 420

agcaaaacct gaaggggccc tccagaacaa tgatgggctt tatgatcctg actgcgatga 480

gagcgggctc tttaaggcca agcagtgcaa cggcacctcc acgtgctggt gtgtgaacac 540

tgctggggtc agaagaacag acaaggacac tgaaataacc tgctctgagc gagtgagaac 600

ctactggatc atcattgaac taaaacacaa agcaagagaa aaaccttatg atagtaaaag 660

tttgcggact gcacttcaga aggagatcac aacgcgttat caactggatc caaaatttat 720

cacgagtatt ttgtatgaga ataatgttat cactattgat ctggttcaaa attcttctca 780

aaaaactcag aatgatgtgg acatagctga tgtggcttat tattttgaaa aagatgttaa 840

aggtgaatcc ttgtttcatt ctaagaaaat ggacctgaca gtaaatgggg aacaactgga 900

tctggatcct ggtcaaactt taatttatta tgttgatgaa aaagcacctg aattctcaat 960

gcagggtcta aaagctggtg ttattgctgt tattgtggtt gtggtgatag cagttgttgc 1020

tggaattgtt gtgctggtta tttccagaaa gaagagaatg gcaaagtatg agaaggctga 1080

gataaaggag atgggtgaga tgcataggga actcaatgca taactatata atttgaagat 1140

tatagaagaa gggaaatagc aaatggacac aaattacaaa tgtgtgtgcg tgggacgaag 1200

acatctttga aggtcatgag tttgttagtt taacatcata tatttgtaat agtgaaacct 1260

gtactcaaaa tataagcagc ttgaaactgg ctttaccaat cttgaaattt gaccacaagt 1320

gtcttatata tgcagatcta atgtaaaatc cagaacttgg actccatcgt taaaattatt 1380

tatgtgtaac attcaaatgt gtgcattaaa tatgcttcca cagtaaaatc tgaaaaactg 1440

atttgtgatt gaaagctgcc tttctattta cttgagtctt gtacatacat acttttttat 1500

gagctatgaa ataaaacatt ttaaactg 1528

<210> 1130

<211> 36

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1130

Glu Cys Val Cys Glu Asn Tyr Lys Leu Ala Val Asn Cys Phe Val Asn
1 5 10 15

Asn Asn Arg Gln Cys Gln Cys Thr Ser Val Gly Ala Gln Asn Thr Val
20 25 30

Ile Cys Ser Lys
35

<210> 1131

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP L

<400> 1131

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1132

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP L-CDR1

<400> 1132

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1133

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP L-CDR2

<400> 1133

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1134

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP L-CDR3

<400> 1134

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1135

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP L

<400> 1135

gacattgtga tgacccagtc tccagactct ttggctgtgt ctctagggga gagggccacc 60

atcaactgca agtccagtca gagcctttta tattctagaa atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtatcagc agaaaccagg acagccaccc aaactcctca tcttttgggc tagcactagg 180

gaatctgggg tacctgatag gttcagtggc agtgggtttg ggacagactt caccctcacc 240

attagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggacaagg gaccaaggtg gaaataaaa 339

<210> 1136

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP H

<400> 1136

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 Thr Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala 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 Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1137

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP H-CDR1

<400> 1137

Glu Tyr Thr Ile His

1 5

<210> 1138

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP H-CDR2

<400> 1138

Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1139

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP H-CDR3

<400> 1139

Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1140

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP H

<400> 1140

caggtgcaac tagtgcagtc cggcgccgaa gtgaagaaac ccggtgcttc cgtgaaagtc 60

agctgtaaaa ctagtagata caccttcact gaatacacca tacactgggt tagacaggcc 120

cctggccaaa ggctggagtg gataggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcaccatc accgtagaca cctctgccag caccgcctac 240

atggaactgt ccagcctgcg ctccgaggac actgcagtct actactgcgc cagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aacccttgtc 360

accgtctcct cc 372

<210> 1141

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH

<400> 1141

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

145 150 155 160

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

165 170 175

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

225 230 235 240

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

245 250

<210> 1142

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH

<400> 1142

gacattgtga tgacccagtc tccagactct ttggctgtgt ctctagggga gagggccacc 60

atcaactgca agtccagtca gagcctttta tattctagaa atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtatcagc agaaaccagg acagccaccc aaactcctca tcttttgggc tagcactagg 180

gaatctgggg tacctgatag gttcagtggc agtgggtttg ggacagactt caccctcacc 240

attagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggacaagg gaccaaggtg gaaataaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg caactagtgc agtccggcgc cgaagtgaag 420

aaacccggtg cttccgtgaa agtcagctgt aaaactagta gatacacctt cactgaatac 480

accatacact gggttagaca ggcccctggc caaaggctgg agtggatagg aggtattaat 540

cctaacaatg gtattcctaa ctacaaccag aagttcaagg gccgggtcac catcaccgta 600

gacacctctg ccagcaccgc ctacatggaa ctgtccagcc tgcgctccga ggacactgca 660

gtctactact gcgccagaag aagaatcgcc tatggttacg acgagggcca tgctatggac 720

tactggggtc aaggaaccct tgtcaccgtc tcctcc 756

<210> 1143

<211> 506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH x I2C HL

<400> 1143

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

145 150 155 160

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

165 170 175

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

225 230 235 240

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

245 250 255

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

260 265 270

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys

275 280 285

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

290 295 300

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala

305 310 315 320

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn

325 330 335

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val

340 345 350

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr

355 360 365

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val

385 390 395 400

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr

405 410 415

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro

420 425 430

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly

435 440 445

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser

450 455 460

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu

465 470 475 480

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

485 490 495

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 1144

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH x I2C HL

<400> 1144

gacattgtga tgacccagtc tccagactct ttggctgtgt ctctagggga gagggccacc 60

atcaactgca agtccagtca gagcctttta tattctagaa atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtatcagc agaaaccagg acagccaccc aaactcctca tcttttgggc tagcactagg 180

gaatctgggg tacctgatag gttcagtggc agtgggtttg ggacagactt caccctcacc 240

attagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggacaagg gaccaaggtg gaaataaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg caactagtgc agtccggcgc cgaagtgaag 420

aaacccggtg cttccgtgaa agtcagctgt aaaactagta gatacacctt cactgaatac 480

accatacact gggttagaca ggcccctggc caaaggctgg agtggatagg aggtattaat 540

cctaacaatg gtattcctaa ctacaaccag aagttcaagg gccgggtcac catcaccgta 600

gacacctctg ccagcaccgc ctacatggaa ctgtccagcc tgcgctccga ggacactgca 660

gtctactact gcgccagaag aagaatcgcc tatggttacg acgagggcca tgctatggac 720

tactggggtc aaggaaccct tgtcaccgtc tcctccggag gtggtggatc cgaggtgcag 780

ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca 840

gcctctggat tcaccttcaa taagtacgcc atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag 900

ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt aaatataata attatgcaac atattatgcc 960

gattcagtga aagacaggtt caccatctcc agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta 1020

caaatgaaca acttgaaaac tgaggacact gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac 1080

ttcggtaata gctacatatc ctactgggct tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc 1140

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt 1200

gtgactcagg aaccttcact caccgtatca cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc 1260

tcctcgactg gggctgttac atctggcaac tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt 1320

caggcacccc gtggtctaat aggtgggact aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga 1380

ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct gccctcaccc tctcaggggt acagccagag 1440

gatgaggcag aatattactg tgttctatgg tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga 1500

accaaactga ctgtccta 1518

<210> 1145

<211> 506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH x H2C HL

<400> 1145

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

145 150 155 160

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

165 170 175

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

225 230 235 240

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

245 250 255

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

260 265 270

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys

275 280 285

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

290 295 300

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala

305 310 315 320

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn

325 330 335

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val

340 345 350

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr

355 360 365

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val

385 390 395 400

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr

405 410 415

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Tyr Tyr Pro

420 425 430

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly

435 440 445

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser

450 455 460

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu

465 470 475 480

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

485 490 495

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 1146

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH x H2C HL

<400> 1146

gacattgtga tgacccagtc tccagactct ttggctgtgt ctctagggga gagggccacc 60

atcaactgca agtccagtca gagcctttta tattctagaa atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtatcagc agaaaccagg acagccaccc aaactcctca tcttttgggc tagcactagg 180

gaatctgggg tacctgatag gttcagtggc agtgggtttg ggacagactt caccctcacc 240

attagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggacaagg gaccaaggtg gaaataaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg caactagtgc agtccggcgc cgaagtgaag 420

aaacccggtg cttccgtgaa agtcagctgt aaaactagta gatacacctt cactgaatac 480

accatacact gggttagaca ggcccctggc caaaggctgg agtggatagg aggtattaat 540

cctaacaatg gtattcctaa ctacaaccag aagttcaagg gccgggtcac catcaccgta 600

gacacctctg ccagcaccgc ctacatggaa ctgtccagcc tgcgctccga ggacactgca 660

gtctactact gcgccagaag aagaatcgcc tatggttacg acgagggcca tgctatggac 720

tactggggtc aaggaaccct tgtcaccgtc tcctccggag gtggtggatc cgaggtgcag 780

ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca 840

gcctctggat tcaccttcaa taagtacgcc atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag 900

ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt aaatataata attatgcaac atattatgcc 960

gattcagtga aagacaggtt caccatctcc agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta 1020

caaatgaaca acttgaaaac tgaggacact gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac 1080

ttcggtaata gctacatatc ctactgggct tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc 1140

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt 1200

gtgactcagg aaccttcact caccgtatca cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc 1260

tcctcgactg gggctgttac atctggctac tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt 1320

caggcacccc gtggtctaat aggtgggact aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga 1380

ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct gccctcaccc tctcaggggt acagccagag 1440

gatgaggcag aatattactg tgctctatgg tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga 1500

accaaactga ctgtccta 1518

<210> 1147

<211> 506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH x F12Q HL

<400> 1147

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30
Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Lys Leu Leu Ile Phe Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
65 70 75 80
Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95
Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
130 135 140
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Arg Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

145 150 155 160
Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
165 170 175
Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

225 230 235 240

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

245 250 255

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

260 265 270

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Ser

275 280 285

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

290 295 300

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala

305 310 315 320

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn

325 330 335

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val

340 345 350

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Val Ser Trp

355 360 365

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val

385 390 395 400

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr

405 410 415

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro

420 425 430

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly

435 440 445

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser

450 455 460

Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu

465 470 475 480

Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val

485 490 495

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 1148

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP LH x F12Q HL

<400> 1148

gacattgtga tgacccagtc tccagactct ttggctgtgt ctctagggga gagggccacc 60

atcaactgca agtccagtca gagcctttta tattctagaa atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtatcagc agaaaccagg acagccaccc aaactcctca tcttttgggc tagcactagg 180

gaatctgggg tacctgatag gttcagtggc agtgggtttg ggacagactt caccctcacc 240

attagcagcc tgcaggctga agatgtggca gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggacaagg gaccaaggtg gaaataaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg caactagtgc agtccggcgc cgaagtgaag 420

aaacccggtg cttccgtgaa agtcagctgt aaaactagta gatacacctt cactgaatac 480

accatacact gggttagaca ggcccctggc caaaggctgg agtggatagg aggtattaat 540

cctaacaatg gtattcctaa ctacaaccag aagttcaagg gccgggtcac catcaccgta 600

gacacctctg ccagcaccgc ctacatggaa ctgtccagcc tgcgctccga ggacactgca 660

gtctactact gcgccagaag aagaatcgcc tatggttacg acgagggcca tgctatggac 720

tactggggtc aaggaaccct tgtcaccgtc tcctccggag gtggtggatc cgaggtgcag 780

ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca 840

gcctctggat tcaccttcaa tagctacgcc atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag 900

ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt aaatataata attatgcaac atattatgcc 960

gattcagtga aaggcaggtt caccatctcc agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta 1020

caaatgaaca acttgaaaac tgaggacact gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac 1080

ttcggtaata gctacgtttc ctggtgggct tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc 1140

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt 1200

gtgactcagg aaccttcact caccgtatca cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc 1260

tcctcgactg gggctgttac atctggcaac tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt 1320

caggcacccc gtggtctaat aggtgggact aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga 1380

ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct gccctcaccc tctcaggggt acagccagag 1440

gatgaggcag aatattactg tgttctatgg tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga 1500

accaaactga ctgtccta 1518

<210> 1149

<211> 2283

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP alpha

<400> 1149

atgaagactt gggtaaaaat cgtatttgga gttgccacct ctgctgtgct tgccttattg 60

gtgatgtgca ttgtcttacg cccttcaaga gttcataact ctgaagaaaa tacaatgaga 120

gcactcacac tgaaggatat tttaaatgga acattttctt ataaaacatt ttttccaaac 180

tggatttcag gacaagaata tcttcatcaa tctgcagata acaatatagt actttataat 240

attgaaacag gacaatcata taccattttg agtaatagaa ccatgaaaag tgtgaatgct 300

tcaaattacg gcttatcacc tgatcggcaa tttgtatatc tagaaagtga ttattcaaag 360

ctttggagat actcttacac agcaacatat tacatctatg accttagcaa tggagaattt 420

gtaagaggaa atgagcttcc tcgtccaatt cagtatttat gctggtcgcc tgttgggagt 480

aaattagcat atgtctatca aaacaatatc tatttgaaac aaagaccagg agatccacct 540

tttcaaataa catttaatgg aagagaaaat aaaatattta atggaatccc agactgggtt 600

tatgaagagg aaatgcttgc tacaaaatat gctctctggt ggtctcctaa tggaaaattt 660

ttggcatatg cggaatttaa tgatacggat ataccagtta ttgcctattc ctattatggc 720

gatgaacaat atcctagaac aataaatatt ccatacccaa aggctggagc taagaatccc 780

gttgttcgga tatttattat cgataccact taccctgcgt atgtaggtcc ccaggaagtg 840

cctgttccag caatgatagc ctcaagtgat tattatttca gttggctcac gtgggttact 900

gatgaacgag tatgtttgca gtggctaaaa agagtccaga atgtttcggt cctgtctata 960

tgtgacttca gggaagactg gcagacatgg gattgtccaa agacccagga gcatatagaa 1020

gaaagcagaa ctggatgggc tggtggattc tttgtttcaa caccagtttt cagctatgat 1080
gccatttcgt actacaaaat atttagtgac aaggatggct acaaacatat tcactatatc 1140
aaagacactg tggaaaatgc tattcaaatt acaagtggca agtgggaggc cataaatata 1200
ttcagagtaa cacaggattc actgttttat tctagcaatg aatttgaaga ataccctgga 1260
agaagaaaca tctacagaat tagcattgga agctatcctc caagcaagaa gtgtgttact 1320
tgccatctaa ggaaagaaag gtgccaatat tacacagcaa gtttcagcga ctacgccaag 1380
tactatgcac ttgtctgcta cggcccaggc atccccattt ccacccttca tgatggacgc 1440

actgatcaag aaattaaaat cctggaagaa aacaaggaat tggaaaatgc tttgaaaaat 1500
atccagctgc ctaaagagga aattaagaaa cttgaagtag atgaaattac tttatggtac 1560
aagatgattc ttcctcctca atttgacaga tcaaagaagt atcccttgct aattcaagtg 1620
tatggtggtc cctgcagtca gagtgtaagg tctgtatttg ctgttaattg gatatcttat 1680
cttgcaagta aggaagggat ggtcattgcc ttggtggatg gtcgaggaac agctttccaa 1740
ggtgacaaac tcctctatgc agtgtatcga aagctgggtg tttatgaagt tgaagaccag 1800
attacagctg tcagaaaatt catagaaatg ggtttcattg atgaaaaaag aatagccata 1860

tggggctggt cctatggagg atacgtttca tcactggccc ttgcatctgg aactggtctt 1920
ttcaaatgtg gtatagcagt ggctccagtc tccagctggg aatattacgc gtctgtctac 1980
acagagagat tcatgggtct cccaacaaag gatgataatc ttgagcacta taagaattca 2040
actgtgatgg caagagcaga atatttcaga aatgtagact atcttctcat ccacggaaca 2100
gcagatgata atgtgcactt tcaaaactca gcacagattg ctaaagctct ggttaatgca 2160
caagtggatt tccaggcaat gtggtactct gaccagaacc acggcttatc cggcctgtcc 2220
acgaaccact tatacaccca catgacccac ttcctaaagc agtgtttctc tttgtcagac 2280

taa 2283

<210> 1150

<211> 760

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FAP alpha

<400> 1150

Met Lys Thr Trp Val Lys Ile Val Phe Gly Val Ala Thr Ser Ala Val

1 5 10 15

Leu Ala Leu Leu Val Met Cys Ile Val Leu Arg Pro Ser Arg Val His
20 25 30
Asn Ser Glu Glu Asn Thr Met Arg Ala Leu Thr Leu Lys Asp Ile Leu

35 40 45
Asn Gly Thr Phe Ser Tyr Lys Thr Phe Phe Pro Asn Trp Ile Ser Gly
50 55 60
Gln Glu Tyr Leu His Gln Ser Ala Asp Asn Asn Ile Val Leu Tyr Asn
65 70 75 80
Ile Glu Thr Gly Gln Ser Tyr Thr Ile Leu Ser Asn Arg Thr Met Lys
85 90 95
Ser Val Asn Ala Ser Asn Tyr Gly Leu Ser Pro Asp Arg Gln Phe Val

100 105 110
Tyr Leu Glu Ser Asp Tyr Ser Lys Leu Trp Arg Tyr Ser Tyr Thr Ala
115 120 125
Thr Tyr Tyr Ile Tyr Asp Leu Ser Asn Gly Glu Phe Val Arg Gly Asn
130 135 140
Glu Leu Pro Arg Pro Ile Gln Tyr Leu Cys Trp Ser Pro Val Gly Ser
145 150 155 160
Lys Leu Ala Tyr Val Tyr Gln Asn Asn Ile Tyr Leu Lys Gln Arg Pro

165 170 175
Gly Asp Pro Pro Phe Gln Ile Thr Phe Asn Gly Arg Glu Asn Lys Ile
180 185 190
Phe Asn Gly Ile Pro Asp Trp Val Tyr Glu Glu Glu Met Leu Ala Thr
195 200 205
Lys Tyr Ala Leu Trp Trp Ser Pro Asn Gly Lys Phe Leu Ala Tyr Ala
210 215 220
Glu Phe Asn Asp Thr Asp Ile Pro Val Ile Ala Tyr Ser Tyr Tyr Gly

225 230 235 240
Asp Glu Gln Tyr Pro Arg Thr Ile Asn Ile Pro Tyr Pro Lys Ala Gly
245 250 255
Ala Lys Asn Pro Val Val Arg Ile Phe Ile Ile Asp Thr Thr Tyr Pro

260 265 270

Ala Tyr Val Gly Pro Gln Glu Val Pro Val Pro Ala Met Ile Ala Ser

275 280 285

Ser Asp Tyr Tyr Phe Ser Trp Leu Thr Trp Val Thr Asp Glu Arg Val

290 295 300

Cys Leu Gln Trp Leu Lys Arg Val Gln Asn Val Ser Val Leu Ser Ile

305 310 315 320

Cys Asp Phe Arg Glu Asp Trp Gln Thr Trp Asp Cys Pro Lys Thr Gln

325 330 335

Glu His Ile Glu Glu Ser Arg Thr Gly Trp Ala Gly Gly Phe Phe Val

340 345 350

Ser Thr Pro Val Phe Ser Tyr Asp Ala Ile Ser Tyr Tyr Lys Ile Phe

355 360 365

Ser Asp Lys Asp Gly Tyr Lys His Ile His Tyr Ile Lys Asp Thr Val

370 375 380

Glu Asn Ala Ile Gln Ile Thr Ser Gly Lys Trp Glu Ala Ile Asn Ile

385 390 395 400

Phe Arg Val Thr Gln Asp Ser Leu Phe Tyr Ser Ser Asn Glu Phe Glu

405 410 415

Glu Tyr Pro Gly Arg Arg Asn Ile Tyr Arg Ile Ser Ile Gly Ser Tyr

420 425 430

Pro Pro Ser Lys Lys Cys Val Thr Cys His Leu Arg Lys Glu Arg Cys

435 440 445

Gln Tyr Tyr Thr Ala Ser Phe Ser Asp Tyr Ala Lys Tyr Tyr Ala Leu

450 455 460

Val Cys Tyr Gly Pro Gly Ile Pro Ile Ser Thr Leu His Asp Gly Arg

465 470 475 480

Thr Asp Gln Glu Ile Lys Ile Leu Glu Glu Asn Lys Glu Leu Glu Asn

485 490 495

Ala Leu Lys Asn Ile Gln Leu Pro Lys Glu Glu Ile Lys Lys Leu Glu

500 505 510

Val Asp Glu Ile Thr Leu Trp Tyr Lys Met Ile Leu Pro Pro Gln Phe
515 520 525
Asp Arg Ser Lys Lys Tyr Pro Leu Leu Ile Gln Val Tyr Gly Gly Pro
530 535 540
Cys Ser Gln Ser Val Arg Ser Val Phe Ala Val Asn Trp Ile Ser Tyr

545 550 555 560
Leu Ala Ser Lys Glu Gly Met Val Ile Ala Leu Val Asp Gly Arg Gly
565 570 575
Thr Ala Phe Gln Gly Asp Lys Leu Leu Tyr Ala Val Tyr Arg Lys Leu
580 585 590
Gly Val Tyr Glu Val Glu Asp Gln Ile Thr Ala Val Arg Lys Phe Ile
595 600 605
Glu Met Gly Phe Ile Asp Glu Lys Arg Ile Ala Ile Trp Gly Trp Ser

610 615 620
Tyr Gly Gly Tyr Val Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ser Gly Thr Gly Leu
625 630 635 640
Phe Lys Cys Gly Ile Ala Val Ala Pro Val Ser Ser Trp Glu Tyr Tyr
645 650 655
Ala Ser Val Tyr Thr Glu Arg Phe Met Gly Leu Pro Thr Lys Asp Asp
660 665 670
Asn Leu Glu His Tyr Lys Asn Ser Thr Val Met Ala Arg Ala Glu Tyr

675 680 685
Phe Arg Asn Val Asp Tyr Leu Leu Ile His Gly Thr Ala Asp Asp Asn
690 695 700
Val His Phe Gln Asn Ser Ala Gln Ile Ala Lys Ala Leu Val Asn Ala
705 710 715 720
Gln Val Asp Phe Gln Ala Met Trp Tyr Ser Asp Gln Asn His Gly Leu
725 730 735
Ser Gly Leu Ser Thr Asn His Leu Tyr Thr His Met Thr His Phe Leu

740 745 750
Lys Gln Cys Phe Ser Leu Ser Asp

755 760

<210> 1151

<211> 2283

<212> DNA

<213> Macaca fascicularis

<400> 1151

atgaagactt gggtaaaaat cgtatttgga gttgccacct ctgctgtgct tgccttattg 60

gtgatgtgca ttgtcttacg ccctccaaga gttcataact ctgaagaaaa tacaatgaga 120

gcactcacac tgaaggatat tttaaatggg acattttctt ataaaacatt ttttccaaac 180

tggatttcag gacaagaata tcttcatcaa tctgcagata acaatatagt actttataat 240

attgaaacag gacaatcata taccattttg agtaacagaa ccatgaaaag tgtgaatgct 300

tcaaattatg gcttatcacc tgatcggcaa tttgtatatc tagaaagtga ttattcaaag 360

ctttggagat actcttacac agcaacatat tacatctatg accttagcaa tggagaattt 420

gtaagaggaa atgagcttcc tcgtccaatt cagtatttat gctggtcgcc tgttgggagt 480

aaattagcat atgtctatca aaacaatatc tatttgaaac aaagaccagg agatccacct 540

tttcaaataa catttaatgg aagagaaaat aaaatattta atggaatccc agactgggtt 600

tatgaagagg aaatgcttgc tacaaaatat gctctctggt ggtctcctaa tggaaaattt 660

ttggcatatg cggaatttaa tgatacagat ataccagtta ttgcctattc ctattatggc 720

gatgaacaat atcccagaac aataaatatt ccatacccaa aggcyggagc taagaatcct 780

tttgttcgga tatttattat cgataccact taccctgcgt atgtaggtcc ccaggaagtg 840

cctgttccag caatgatagc ctcaagtgat tattatttca gttggctcac gtgggttact 900

gatgaacgag tatgtttgca gtggctaaaa agagtccaga atgtttcggt cttgtctata 960

tgtgatttca gggaagactg gcagacatgg gattgtccaa agacccagga gcatatagaa 1020

gaaagcagaa ctggatgggc tggtggattc tttgtttcaa caccagtttt cagctatgat 1080

gccatttcat actacaaaat atttagtgac aaggatggct acaaacatat tcactatatc 1140

aaagacactg tggaaaatgc tattcaaatt acaagtggca agtgggaggc cataaatata 1200

ttcagagtaa cacaggattc actgttttat tctagcaatg aatttgaaga ttaccctgga 1260

agaagaaaca tctacagaat tagcattgga agctatcctc caagcaagaa gtgtgttact 1320

tgccatctaa ggaaagaaag gtgccaatat tacacagcaa gtttcagcga ctacgccaag 1380

tactatgcac ttgtctgcta tggcccaggc atccccattt ccacccttca tgacggacgc 1440

actgatcaag aaattaaaat cctggaagaa aacaaggaat tggaaaatgc tttgaaaaat 1500

atccagctgc ctaaagagga aattaagaaa cttgaagtag atgaaattac tttatggtac 1560

aagatgattc ttcctcctca atttgacaga tcaaagaagt atcccttgct aattcaagtg 1620

tatggtggtc cctgcagtca gagtgtragg tctgtatttg ctgttaattg gatatcktat 1680

cttgcaagta aggaagggat ggtcattgcc ttggtggatg gtcgaggaac agctttccaa 1740

ggtgacaaac tcctgtatgc agtgtatcga aagctgggtg tttatgaagt tgaagaccag 1800

attacagctg tcagaaaatt catagaaatg ggtttcattg atgaaaaaag aatagccata 1860

tggggctggt cctatggagg ataygtttca tcactggccc ttgcatctgg aactggtctt 1920

ttcaaatgtg ggatagcagt ggctccagtc tccagctggg aatattacgc gtctgtctac 1980

acagaaagat tcatgggtct tcccacaaag gatgataatc ttgagcacta caaaaattca 2040

actgtgatgg caagagcaga atatttcaga aatgtagact atcttctcat ccacggaaca 2100

gcagatgata atgtgcactt tcaaaactca gcacagattg ctaaagctct ggttaatgca 2160

caagtggatt tccaggcaat gtggtactct gaccagaacc acggcttatc cggcctgtcc 2220

acgaaccact tatacaccca catgacccac tttctaaagc agtgtttttc tttgtcggac 2280

taa 2283

<210> 1152

<211> 760

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<400> 1152

Met Lys Thr Trp Val Lys Ile Val Phe Gly Val Ala Thr Ser Ala Val

1 5 10 15

Leu Ala Leu Leu Val Met Cys Ile Val Leu Arg Pro Pro Arg Val His

20 25 30

Asn Ser Glu Glu Asn Thr Met Arg Ala Leu Thr Leu Lys Asp Ile Leu

35 40 45

Asn Gly Thr Phe Ser Tyr Lys Thr Phe Phe Pro Asn Trp Ile Ser Gly

50 55 60

Gln Glu Tyr Leu His Gln Ser Ala Asp Asn Asn Ile Val Leu Tyr Asn

65 70 75 80

Ile Glu Thr Gly Gln Ser Tyr Thr Ile Leu Ser Asn Arg Thr Met Lys

85 90 95

Ser Val Asn Ala Ser Asn Tyr Gly Leu Ser Pro Asp Arg Gln Phe Val

100 105 110

Tyr Leu Glu Ser Asp Tyr Ser Lys Leu Trp Arg Tyr Ser Tyr Thr Ala

115 120 125

Thr Tyr Tyr Ile Tyr Asp Leu Ser Asn Gly Glu Phe Val Arg Gly Asn

130 135 140

Glu Leu Pro Arg Pro Ile Gln Tyr Leu Cys Trp Ser Pro Val Gly Ser

145 150 155 160

Lys Leu Ala Tyr Val Tyr Gln Asn Asn Ile Tyr Leu Lys Gln Arg Pro

165 170 175

Gly Asp Pro Pro Phe Gln Ile Thr Phe Asn Gly Arg Glu Asn Lys Ile

180 185 190

Phe Asn Gly Ile Pro Asp Trp Val Tyr Glu Glu Glu Met Leu Ala Thr

195 200 205

Lys Tyr Ala Leu Trp Trp Ser Pro Asn Gly Lys Phe Leu Ala Tyr Ala

210 215 220

Glu Phe Asn Asp Thr Asp Ile Pro Val Ile Ala Tyr Ser Tyr Tyr Gly

225 230 235 240

Asp Glu Gln Tyr Pro Arg Thr Ile Asn Ile Pro Tyr Pro Lys Ala Gly

245 250 255

Ala Lys Asn Pro Phe Val Arg Ile Phe Ile Ile Asp Thr Thr Tyr Pro

260 265 270

Ala Tyr Val Gly Pro Gln Glu Val Pro Val Pro Ala Met Ile Ala Ser

275 280 285

Ser Asp Tyr Tyr Phe Ser Trp Leu Thr Trp Val Thr Asp Glu Arg Val

290 295 300

Cys Leu Gln Trp Leu Lys Arg Val Gln Asn Val Ser Val Leu Ser Ile

305 310 315 320

Cys Asp Phe Arg Glu Asp Trp Gln Thr Trp Asp Cys Pro Lys Thr Gln

325 330 335

Glu His Ile Glu Glu Ser Arg Thr Gly Trp Ala Gly Gly Phe Phe Val

340 345 350

Ser Thr Pro Val Phe Ser Tyr Asp Ala Ile Ser Tyr Tyr Lys Ile Phe
355 360 365
Ser Asp Lys Asp Gly Tyr Lys His Ile His Tyr Ile Lys Asp Thr Val

370 375 380
Glu Asn Ala Ile Gln Ile Thr Ser Gly Lys Trp Glu Ala Ile Asn Ile
385 390 395 400
Phe Arg Val Thr Gln Asp Ser Leu Phe Tyr Ser Ser Asn Glu Phe Glu
405 410 415
Asp Tyr Pro Gly Arg Arg Asn Ile Tyr Arg Ile Ser Ile Gly Ser Tyr
420 425 430
Pro Pro Ser Lys Lys Cys Val Thr Cys His Leu Arg Lys Glu Arg Cys

435 440 445
Gln Tyr Tyr Thr Ala Ser Phe Ser Asp Tyr Ala Lys Tyr Tyr Ala Leu
450 455 460
Val Cys Tyr Gly Pro Gly Ile Pro Ile Ser Thr Leu His Asp Gly Arg
465 470 475 480
Thr Asp Gln Glu Ile Lys Ile Leu Glu Glu Asn Lys Glu Leu Glu Asn
485 490 495
Ala Leu Lys Asn Ile Gln Leu Pro Lys Glu Glu Ile Lys Lys Leu Glu

500 505 510
Val Asp Glu Ile Thr Leu Trp Tyr Lys Met Ile Leu Pro Pro Gln Phe
515 520 525
Asp Arg Ser Lys Lys Tyr Pro Leu Leu Ile Gln Val Tyr Gly Gly Pro
530 535 540
Cys Ser Gln Ser Val Arg Ser Val Phe Ala Val Asn Trp Ile Ser Tyr
545 550 555 560
Leu Ala Ser Lys Glu Gly Met Val Ile Ala Leu Val Asp Gly Arg Gly

565 570 575
Thr Ala Phe Gln Gly Asp Lys Leu Leu Tyr Ala Val Tyr Arg Lys Leu
580 585 590
Gly Val Tyr Glu Val Glu Asp Gln Ile Thr Ala Val Arg Lys Phe Ile

595 600 605

Glu Met Gly Phe Ile Asp Glu Lys Arg Ile Ala Ile Trp Gly Trp Ser

610 615 620

Tyr Gly Gly Tyr Val Ser Ser Leu Ala Leu Ala Ser Gly Thr Gly Leu

625 630 635 640

Phe Lys Cys Gly Ile Ala Val Ala Pro Val Ser Ser Trp Glu Tyr Tyr

645 650 655

Ala Ser Val Tyr Thr Glu Arg Phe Met Gly Leu Pro Thr Lys Asp Asp

660 665 670

Asn Leu Glu His Tyr Lys Asn Ser Thr Val Met Ala Arg Ala Glu Tyr

675 680 685

Phe Arg Asn Val Asp Tyr Leu Leu Ile His Gly Thr Ala Asp Asp Asn

690 695 700

Val His Phe Gln Asn Ser Ala Gln Ile Ala Lys Ala Leu Val Asn Ala

705 710 715 720

Gln Val Asp Phe Gln Ala Met Trp Tyr Ser Asp Gln Asn His Gly Leu

725 730 735

Ser Gly Leu Ser Thr Asn His Leu Tyr Thr His Met Thr His Phe Leu

740 745 750

Lys Gln Cys Phe Ser Leu Ser Asp

755 760

<210> 1153

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 1153

cagcttccaa ctacaaagac agac 24

<210> 1154

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 1154

tttcctcttc ataaacccag tctgg 25

<210> 1155

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 1155

ttgaaacaaa gaccaggaga tccacc 26

<210> 1156

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 1156

agatggcaag taacacactt cttgc 25

<210> 1157

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 1157

gaagaaacat ctacagaatt agcattgg 28

<210> 1158

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 1158

cacatttgaa aagaccagtt ccagatgc 28

<210> 1159

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> forward primer

<400> 1159

agattacagc tgtcagaaaa ttcatagaaa tgg 33

<210> 1160

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> reverse primer

<400> 1160

atataaggtt ttcagattct gatacaggc 29

<210> 1161

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 5'FAP-VH-A-XhoI

<400> 1161

ccgctactcg agtctggasc tgagstgrwg aagcctgggg cttcagtaaa g 51

<210> 1162

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3'FAP-VH-B

<400> 1162

ctgtctcacc cagtgtatgg tgtattcagt gaatgtgtat cyagaagyct tgcaggacay 60

ctttactgaa gcccc 75

<210> 1163

<211> 75

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 5'FAP-VH-C

<400> 1163

cactgggtga gacagkcccm tggamagagm cttgagtgga tkggaggtat taatcctaac 60

aatggtattc ctaac 75

<210> 1164

<211> 78

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3'FAP-VH-D

<400> 1164

catgtaggcg gtgctggmgg acktgyctmy agttawtgtg rccctgccct tgaacttctg 60

attgtagtta ggaatacc 78

<210> 1165

<211> 78

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 5'FAP-VH-E

<400> 1165

agcaccgcct acatggagct cmgcagcctg asatctgagg atactgcggt ctattwctgt 60

gcaagaagaa gaatcgcc 78

<210> 1166

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3'FAP-VH-F-BstEII

<400> 1166

ccagtaggtg accagggttc cttgacccca gtagtccata gcatggccct cgtcgtaacc 60

ataggcgatt cttcttcttg caca 84

<210> 1167

<211> 87

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 5'FAP-VL-A-SacI

<400> 1167

cgacctgagc tcgtgatgac acagactcca yyctccctas ctgtgacasy tggagagmmg 60

gyttctatsa gctgcaagtc cagtcag 87

<210> 1168

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3'FAP-VL-B

<400> 1168

agactgccct ggcttctgcw ggwaccaggc caagtagttc ttttgattac gactatataa 60

aaggctctga ctggacttgc agct 84

<210> 1169

<211> 87

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 5'FAP-VL-C

<400> 1169

cagaagccag ggcagtctcc tmaactgctg atttwctggg catccactag ggaatctggg 60

gtccctgatc gcttctcagg cagtgga 87

<210> 1170

<211> 90

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3'FAP-VL-D

<400> 1170

atattgctga cagtmataaa ctsccasgtc ctcagcctsc acwctgctga tcktgagakt 60

gaaatccgtc ccaratccac tgcctgagaa 90

<210> 1171

<211> 80

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3'FAP-VL-E-BsiWI/SpeI

<400> 1171

ccagtaacta gtcgtacgtt tgatctccac cttggtccca ccaccgaacg tgagcggata 60

gctaaaatat tgctgacagt 80

<210> 1172

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-H

<400> 1172

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Ile Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210

> 1173

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-HCDR1

<400> 1173

Asn Tyr Trp Leu Asn
1 5

<210> 1174

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-HCDR2

<400> 1174

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1175

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-HCDR3

<400> 1175

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr

1 5

<210> 1176

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-H

<400> 1176

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120

cccggcaggg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcggaca agagcaccaa caccgcctac 240

atcgagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1177

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-L

<400> 1177

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His
85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1178

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-LCDR1

<400> 1178

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr
1 5 10 15

<210> 1179

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-LCDR2

<400> 1179

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser
1 5

<210> 1180

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-LCDR3

<400> 1180

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1181

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-L

<400> 1181

gacatcgtga tgacccagtc acctccaagc ctgccagtga ccccaggcga gccagcgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tatctgcaga agccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgacttcac cctgaagatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gccaagggac caagctggaa atcaag 336

<210> 1182

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8-HL

<400> 1182

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Ile Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu Pro
130 135 140
Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser
145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
165 170 175
Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
180 185 190
Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
195 200 205
Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1183
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC32B8-HL
<400> 1183
gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120

cccggcaggg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcggaca agagcaccaa caccgcctac 240

atcgagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420

ccaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca ag 732

<210> 1184

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32B8 HL x I2C HL

<400> 1184

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Ile Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Pro Ser Leu Pro

130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys

165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala

180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe

195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
355 360 365
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
385 390 395 400
Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala
450 455 460
Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495
Thr Val Leu

<210> 1185
<211> 1497
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC32B8 HL x I2C HL
<400> 1185
gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60
tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120
cccggcaggg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180
gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcggaca agagcaccaa caccgcctac 240

atcgagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300
atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420

ccaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1186

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-H

<400> 1186

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1187

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-HCDR1

<400> 1187

Asn Tyr Trp Leu Asn

1 5

<210> 1188

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-HCDR2

<400> 1188

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1189

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-HCDR3

<400> 1189

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr

1 5

<210> 1190

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-H

<400> 1190

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtggtgaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120

cccggcaggg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1191

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-L

<400> 1191

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His

85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1192

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-LCDR1

<400> 1192

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 1193

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-LCDR2

<400> 1193

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1194

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-LCDR3

<400> 1194

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1195

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-L

<400> 1195

gacatcgtga tgacccagtc acctctaagc ctgccagtga ccccaggcga gtcagcgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tatctgcaga agccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgacttcac cctgaggatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gccaagggac caagctggaa atcaag 336

<210> 1196

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5-HL

<400> 1196

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro
130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
165 170 175
Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
180 185 190
Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
195 200 205
Thr Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1197
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC32D5-HL
<400> 1197
gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtggtgaagc ctggcgccac agtgaagata 60
tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120
cccggcaggg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180
gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300
atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420
ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagtca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480
ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540
ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600
ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aggatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca ag 732

<210> 1198

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5 HL x I2C HL

<400> 1198

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Arg Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro
130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser
145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe

195 200 205

Thr Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro

420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala
450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1199

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC32D5 HL x I2C HL

<400> 1199

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtggtgaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120

cccggcaggg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagtca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aggatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140
ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200
accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260
tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320
ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380
ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440
gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1200
<211> 117
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC17D10-H
<400> 1200
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30
Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60
Lys Asp Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser
115

<210
> 1201

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-HCDR1

<400> 1201

Asn Tyr Trp Leu Asn

1 5

<210> 1202

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-HCDR2

<400> 1202

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1203

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-HCDR3

<400> 1203

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr

1 5

<210> 1204

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-H

<400> 1204

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagacg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacaa agtcaccata accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1205

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-L

<400> 1205

Asp Ile Val Met Thr Gln Ala Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His

85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1206

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-LCDR1

<400> 1206

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 1207

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-LCDR2

<400> 1207

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1208

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-LCDR3

<400> 1208

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1209

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-L

<400> 1209

gacatcgtga tgacccaggc acctctaagc ctgccagtga ccccaggcga gccagtgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tatctgcaga agccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgacttcac cctgaggatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gccaagggac caagctggaa atcaag 336

<210> 1210

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-HL

<400> 1210

```
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
            20                  25                  30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
        35                  40                  45
Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Lys Asp Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
            100                 105                 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
        115                 120                 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ala Pro Leu Ser Leu Pro
    130                 135                 140
Val Thr Pro Gly Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser
145                 150                 155                 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
                165                 170                 175
Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
            180                 185                 190
Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
        195                 200                 205
Thr Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
    210                 215                 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
225                 230                 235                 240
Leu Glu Ile Lys
```

<210> 1211

<211> 732

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10-HL

<400> 1211

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagacg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacaa agtcaccata accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccaggcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gtgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aggatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca ag 732

<210> 1212

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17D10 HL x I2C HL

<400> 1212

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60
Lys Asp Lys Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ala Pro Leu Ser Leu Pro
130 135 140
Val Thr Pro Gly Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser
145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
165 170 175
Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
180 185 190
Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
195 200 205
Thr Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
245 250 255
Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys
260 265 270
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe
305 310 315 320
Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
325 330 335
Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
355 360 365
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
385 390 395 400
Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala
450 455 460
Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495
Thr Val Leu

<210> 1213
<211> 1497
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC17D10 HL x I2C HL

<400> 1213

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagacg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacaa agtcaccata accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccaggcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gtgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aggatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1214

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-H

<400> 1214

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Pro Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Ile Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210

> 1215

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-HCDR1

<400> 1215

Asn Tyr Trp Leu Asn
1 5

<210> 1216

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-HCDR2

<400> 1216

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15

Asp

<210> 1217

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-HCDR3

<400> 1217

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr
1 5

<210> 1218

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-H

<400> 1218

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgcccc agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagagg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggtagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgtggaca agagcaccag caccgcctac 240

atcgagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1219

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-L

<400> 1219

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His

85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1220

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-LCDR1

<400> 1220

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 1221

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-LCDR2

<400> 1221

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1222

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-LCDR3

<400> 1222

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1223

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-L

<400> 1223

gacatcgtga tgacccagtc acctctaagc ctgccagtga ccccaggcga gccagtgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tatctgcaga agccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgacttcac cctgaagatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gccaagggac caagctggaa atcaag 336

<210> 1224

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12-HL

<400> 1224

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Pro Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Ile Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125
Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro
130 135 140
Val Thr Pro Gly Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser
145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
165 170 175
Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
180 185 190
Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
195 200 205
Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1225
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC16E12-HL
<400> 1225
gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgcccc agtgaagata 60
tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagagg 120
cccggcaagg gcctggaatg gataggtagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180
gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgtggaca agagcaccag caccgcctac 240

atcgagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300
atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gtgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca ag 732

<210> 1226

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12 HL x I2C HL

<400> 1226

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Pro Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Ile Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro
130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys
260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys
290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe
305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala
450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1227

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC16E12 HL x I2C HL

<400> 1227

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgcccc agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagagg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggtagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgtggaca agagcaccag caccgcctac 240

atcgagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gtgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1228

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-H

<400> 1228

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Gln Gln Arg Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210

> 1229

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-HCDR1

<400> 1229

Asn Tyr Trp Leu Asn

1 5

<210> 1230

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-HCDR2

<400> 1230

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1231

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-HCDR3

<400> 1231

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr

1 5

<210> 1232

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-H

<400> 1232

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gcaacagagg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcacccta accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1233

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-L

<400> 1233

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His
85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 1234

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-LCDR1

<400> 1234

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 1235

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-LCDR2

<400> 1235

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1236

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-LCDR3

<400> 1236

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1237

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-L

<400> 1237

gacatcgtga tgacccagtc acctctaagc ctgccagtga ccccaggcga gtcagcgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tatctgcaga agccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgacttcac cctgaagatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gccaagggac caagctggaa atcaag 336

<210> 1238

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4-HL

<400> 1238

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Gln Gln Arg Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro
130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser
145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys
165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala
180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr
210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1239
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC08F4-HL
<400> 1239
gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60
tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gcaacagagg 120
cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180
gaccagaagt tcaaggacag agtcacccta accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300
atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420
ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagtca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480
ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540
ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600
ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720
ctggaaatca ag 732
<210> 1240
<211> 499
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC08F4 HL x I2C HL
<400> 1240
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Gln Gln Arg Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro

130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Ser Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys

165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala

180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe

195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys
260 265 270
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys
290 295 300
Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe
305 310 315 320
Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
325 330 335
Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
355 360 365
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
385 390 395 400
Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala
450 455 460
Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495
Thr Val Leu

<210> 1241

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC08F4 HL x I2C HL

<400> 1241

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gcaacagagg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcacccta accgcggaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgag aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagtca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1242

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-H

<400> 1242

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Met Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asn Lys Ser Thr 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

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1243

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-HCDR1

<400> 1243

Asn Tyr Trp Leu Asn
1 5

<210> 1244

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-HCDR2

<400> 1244

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1245

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-HCDR3

<400> 1245

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr

1 5

<210> 1246

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-H

<400> 1246

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgatgaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcaggca 120

cctggaaagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actgtagaca aatccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1247

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-L

<400> 1247

Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser
20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser
35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro
50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile
65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His
85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 1248

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-LCDR1

<400> 1248

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr
1 5 10 15

<210> 1249

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-LCDR2

<400> 1249

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1250

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-LCDR3

<400> 1250

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1251

<211> 324

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-L

<400> 1251

Gly Ala Cys Ala Thr Cys Cys Ala Gly Cys Thr Gly Ala Cys Cys Cys

1 5 10 15

Ala Gly Thr Cys Thr Cys Cys Ala Ala Gly Cys Thr Thr Cys Ala Thr

20 25 30

Gly Thr Cys Cys Gly Cys Ala Thr Cys Ala Gly Thr Ala Gly Gly Ala

35 40 45

Gly Ala Cys Ala Gly Ala Gly Thr Cys Ala Cys Cys Ala Thr Cys Ala

50 55 60

Cys Cys Thr Gly Cys Ala Gly Gly Gly Cys Cys Ala Gly Thr Cys Ala

65 70 75 80

Gly Ala Ala Thr Gly Thr Gly Gly Gly Thr Ala Cys Thr Gly Cys Thr

85 90 95

Gly Thr Ala Gly Cys Cys Thr Gly Gly Thr Ala Thr Cys Ala Ala Cys

100 105 110

Ala Gly Ala Ala Ala Cys Cys Ala Gly Gly Ala Cys Ala Ala Gly Cys

115 120 125

Cys Cys Cys Thr Ala Ala Ala Thr Thr Ala Cys Thr Gly Ala Thr Thr

130 135 140

Thr Ala Cys Thr Cys Gly Gly Cys Ala Thr Cys Gly Ala Ala Thr Cys

145 150 155 160

Gly Gly Thr Ala Cys Ala Cys Thr Gly Gly Ala Gly Thr Cys Cys Cys

165 170 175

Thr Ala Gly Thr Cys Gly Cys Thr Thr Cys Thr Cys Ala Gly Gly Cys

180 185 190

Ala Gly Thr Gly Gly Ala Thr Cys Thr Gly Gly Gly Ala Cys Ala Gly

195 200 205

Ala Gly Thr Thr Cys Ala Cys Thr Cys Thr Cys Ala Cys Cys Ala Thr

210 215 220

Cys Ala Gly Cys Ala Gly Thr Cys Thr Gly Cys Ala Gly Thr Cys Thr

225 230 235 240

Gly Ala Ala Gly Ala Cys Thr Thr Cys Gly Cys Ala Ala Cys Thr Thr

245 250 255

Ala Thr Thr Ala Cys Thr Gly Cys Cys Ala Gly Cys Ala Ala Thr Ala

260 265 270

Thr Ala Cys Cys Ala Ala Cys Thr Ala Thr Cys Cys Cys Ala Thr Gly

275 280 285

Thr Ala Thr Ala Cys Gly Thr Thr Thr Gly Gly Ala Cys Ala Gly Gly

290 295 300

Gly Gly Ala Cys Cys Ala Ala Gly Cys Thr Gly Gly Ala Ala Ala Thr

305 310 315 320

Ala Ala Ala Ala

<210> 1252

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-HL

<400> 1252

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Met Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asn Lys Ser Thr 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

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro

130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys

165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala

180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe

195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys

<210> 1253

<211> 732

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5-HL

<400> 1253

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgatgaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120

cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcgaaca agagcaccag caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgac aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gtgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca ag 732

<210> 1254

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5 HL x I2C HL

<400> 1254

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Met Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Ala Asn Lys Ser Thr 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

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro

130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys

165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala

180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe

195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro

420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1255

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17F5 HL x I2C HL

<400> 1255

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgatgaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacaggcg 120
cccggcaagg gcctggaatg gataggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180
gaccagaagt tcaaggacag agtcaccata accgcgaaca agagcaccag caccgcctac 240
atggagctgt ccagcctgac aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300
atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccagtcacct 420
ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gtgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540
ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600
ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660
ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720
ctggaaatca agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780
ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840
aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960
accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020
gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080
tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140
ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200
accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260
tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380
ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440
gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1256
<211> 117
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC17H10-H
<400> 1256

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Thr Asp 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

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1257

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-HCDR1

<400> 1257

Asn Tyr Trp Leu Asn

1 5

<210> 1258

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-HCDR2

<400> 1258

Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1259

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-HCDR3

<400> 1259

Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr

1 5

<210> 1260

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-H

<400> 1260

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagacg 120

cccggcaagg gcctggaatg gatgggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcacccta accgcggaca cgagcaccga caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgac aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc a 351

<210> 1261

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-L

<400> 1261

Asp Ile Val Met Thr Gln Ala Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser

20 25 30

Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser

35 40 45

Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

50 55 60

Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Leu Gln His

85 90 95

Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1262

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-LCDR1

<400> 1262

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210

> 1263

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-LCDR2

<400> 1263

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1264

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-LCDR3

<400> 1264

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1265

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-L

<400> 1265

gacatcgtga tgacccaggc acctctaagc ctgccagtga ccccaggcga gccagcgtcc 60

atcagctgca ggtccagcaa gagcctgctg cacagcaacg gcaacaccta cctgtactgg 120

tatctgcaga agccaggcca gagcccccag ctgctgatct acaggatgag caacctggct 180

agcggcgtgc cagacagatt cagcggcagc ggctctggaa ccgacttcac cctgaagatc 240

agcagggtgg aggccgagga cgtgggcgtg tactactgcc tgcagcacct ggaatacccc 300

tacaccttcg gccaagggac caagctggaa atcaag 336

<210> 1266

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-HL

<400> 1266

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Thr Asp 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

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ala Pro Leu Ser Leu Pro

130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys

165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala

180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe

195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys

<210> 1267

<211> 732

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10-HL

<400> 1267

gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagacg 120

cccggcaagg gcctggaatg gatgggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180

gaccagaagt tcaaggacag agtcacccta accgcggaca cgagcaccga caccgcctac 240

atggagctgt ccagcctgac aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300

atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccaggcacct 420

ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540

ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600

ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660

ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca ag 732

<210> 1268

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> PC17H10 HL X I2C HL

<400> 1268

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Val Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Asn Trp Val Lys Gln Thr Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Arg Ile Asp Pro Ser Asp Ser Glu Ile His Tyr Asp Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Thr Asp 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

Ala Leu Thr Gly Ile Tyr Ala Met Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

115 120 125

Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr Gln Ala Pro Leu Ser Leu Pro

130 135 140

Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Lys Ser

145 150 155 160

Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr Trp Tyr Leu Gln Lys

165 170 175

Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Arg Met Ser Asn Leu Ala

180 185 190

Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe

195 200 205

Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr

210 215 220

Cys Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415
Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460
Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480
Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495
Thr Val Leu

<210> 1269
<211> 1497
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> PC17H10 HL X I2C HL
<400> 1269
gaggtgcagc tggtccagtc aggcgccgaa gtgaagaagc ctggcgccac agtgaagata 60

tcctgcaagg tcagcggcta caccttcacc aactactggc tgaactgggt gaaacagacg 120
cccggcaagg gcctggaatg gatgggcagg atcgacccca gcgacagcga gatccactac 180
gaccagaagt tcaaggacag agtcacccta accgcggaca cgagcaccga caccgcctac 240
atggagctgt ccagcctgac aagcgaggac accgccgtgt actattgcgc cctgaccggc 300
atctacgcca tggcctactg gggccagggc accacggtca ccgtctcctc aggtggtggt 360
ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctgaca tcgtgatgac ccaggcacct 420
ctaagcctgc cagtgacccc aggcgagcca gcgtccatca gctgcaggtc cagcaagagc 480

ctgctgcaca gcaacggcaa cacctacctg tactggtatc tgcagaagcc aggccagagc 540
ccccagctgc tgatctacag gatgagcaac ctggctagcg gcgtgccaga cagattcagc 600
ggcagcggct ctggaaccga cttcaccctg aagatcagca gggtggaggc cgaggacgtg 660
ggcgtgtact actgcctgca gcacctggaa tacccctaca ccttcggcca agggaccaag 720

ctggaaatca agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1270

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-H

<400> 1270

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1271

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-HCDR1

<400> 1271

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1272

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-HCDR2

<400> 1272

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1273

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-HCDR3

<400> 1273

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1274

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-H

<400> 1274

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaggc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1275

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-L

<400> 1275

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Gln Lys Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1276

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-LCDR1

<400> 1276

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Thr Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 1277

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-LCDR2

<400> 1277

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 1278

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-LCDR3

<400> 1278

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 1279

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-L

<400> 1279

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta ccagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcaga aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1280

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-LH

<400> 1280

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser
65 70 75 80

Ser Leu Gln Lys Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 1281

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9-LH

<400> 1281

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta ccagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcaga aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaggcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1282

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9 LH x I2C HL

<400> 1282

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Val Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser
65 70 75 80

Ser Leu Gln Lys Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1283

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-A9 LH x I2C HL

<400> 1283

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta ccagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcaga aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaggcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1284

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-H

<400> 1284

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1285

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-HCDR1

<400> 1285

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1286

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-HCDR2

<400> 1286

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1287

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-HCDR3

<400> 1287

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1288

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-H

<400> 1288

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcaggcc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactctg actgctgaca catccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctaca atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1289

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-L

<400> 1289

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His
65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 1290

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-LCDR1

<400> 1290

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ser Ser Tyr Leu Asn
1 5 10 15

<210> 1291

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-LCDR2

<400> 1291

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 1292

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-LCDR3

<400> 1292

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 1293

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-L

<400> 1293

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1294

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-LH

<400> 1294

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His
65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 1295

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6-LH

<400> 1295

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt gaagaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcaggcccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactctgac tgctgacaca 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctacaat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1296

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6 LH x I2C HL

<400> 1296

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1297

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-C6 LH x I2C HL

<400>

1297

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt gaagaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcaggcccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactctgac tgctgacaca 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctacaat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1298

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-H

<400> 1298

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1299

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-HCDR1

<400> 1299

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1300

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-HCDR2

<400> 1300

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1301

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-HCDR3

<400> 1301

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1302

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-H

<400> 1302

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1303

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-L

<400> 1303

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Pro Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1304

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-LCDR1

<400> 1304

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ser Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 1305

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-LCDR2

<400> 1305

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 1306

<211> 9

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-LCDR3

<400> 1306

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 1307

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-L

<400> 1307

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctctagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

cctctggagc aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1308

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-LH

<400> 1308

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Pro Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 1309

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7-LH

<400> 1309

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctctagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

cctctggagc aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1310

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7 LH x I2C HL

<400> 1310

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Pro Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1311

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-C7 LH x I2C HL

<400> 1311

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctctagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacagcc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

cctctggagc aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1312

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-H

<400> 1312

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1313

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-HCDR1

<400> 1313

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1314

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-HCDR2

<400> 1314

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1315

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-HCDR3

<400> 1315

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1316

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-H

<400> 1316

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1317

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-L

<400> 1317

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1318

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-LCDR1

<400> 1318

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ser Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 1319

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-LCDR2

<400> 1319

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 1320

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-LCDR3

<400> 1320

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 1321

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-L

<400> 1321

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1322

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-LH

<400> 1322

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

245 250

<210> 1323

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7-LH

<400> 1323

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1324

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7 LH x I2C HL

<400> 1324

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Ser Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Pro
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile His
65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1325

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D7 LH x I2C HL

<400> 1325

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtt cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccac ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatccat 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1326

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-H

<400> 1326

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1327

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-HCDR1

<400> 1327

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1328

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-HCDR2

<400> 1328

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1329

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-HCDR3

<400> 1329

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1330

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-H

<400> 1330

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1331

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-L

<400> 1331

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Val Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1332

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-LCDR1

<400> 1332

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ser Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 1333

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-LCDR2

<400> 1333

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 1334

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-LCDR3

<400> 1334

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 1335

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-L

<400> 1335

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta ccagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1336

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-LH

<400> 1336

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Val Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser
65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 1337

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4-LH

<400> 1337

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta ccagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1338

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 2-D4 LH x I2C HL

<400> 1338

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Val Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 1339
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> hCD19 2-D4 LH x I2C HL
<400>

1339

gacatccaga tgacccagtc tccagcttct ttgtctgtgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta ccagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctgcagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1340

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-H

<400> 1340

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1341

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-HCDR1

<400> 1341

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1342

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-HCDR2

<400> 1342

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1343

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-HCDR3

<400> 1343

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1344

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-H

<400> 1344

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1345

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-L

<400> 1345

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Leu Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1346

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-LCDR1

<400> 1346

Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp Gly Ser Ser Tyr Leu Asn

1 5 10 15

<210> 1347

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-LCDR2

<400> 1347

Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser

1 5

<210> 1348

<211> 9

<212> PRT

<

213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-LCDR3

<400> 1348

Gln Gln Ser Thr Glu Asp Pro Trp Thr

1 5

<210> 1349

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-L

<400> 1349

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc tcagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctggagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1350

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3-LH

<400> 1350

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Leu Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 1351
<211> 750
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> hCD19 5-G3-LH
<400> 1351
gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60
atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc tcagttattt gaactggtac 120
caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctggagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1352

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3 LH x I2C HL

<400> 1352

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Leu Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Ile Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1353

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 5-G3 LH x I2C HL

<400> 1353

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggtc tcagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

gggatcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcagt 240

tctctggagc cggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1354

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-H

<400> 1354

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1355

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-HCDR1

<400> 1355

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1356

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-HCDR2

<400> 1356

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1357

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-HCDR3

<400> 1357

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1358

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-H

<400> 1358

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1359

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-L

<400> 1359

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser

65 70 75 80

Ser Val Gln Pro Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1360

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-LCDR1

<400> 1360

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 1361

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-LCDR2

<400> 1361

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1362

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-LCDR3

<400> 1362

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1363

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-L

<400> 1363

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatcagt 240

tctgtgcagc cggaggatgt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1364

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-LH

<400> 1364

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser

65 70 75 80

Ser Val Gln Pro Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

245 250

<210> 1365

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10-LH

<400> 1365

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatcagt 240

tctgtgcagc cggaggatgt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1366

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10 LH x I2C HL

<400> 1366

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser
65 70 75 80

Ser Val Gln Pro Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu
245 250 255
Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser
260 265 270
Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala
275 280 285
Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala
290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala
325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr
385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu
450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1367

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E10 LH x I2C HL

<400> 1367

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggacaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatcagt 240

tctgtgcagc cggaggatgt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1368

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-H

<400> 1368

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1369

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-HCDR1

<400> 1369

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1370

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-HCDR2

<400> 1370

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1371

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-HCDR3

<400> 1371

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1372

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-H

<400> 1372

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1373

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-L

<400> 1373

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80

Ser Leu Glu Lys Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 1374

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-LCDR1

<400> 1374

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr
1 5 10 15

<210> 1375

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> hCD19 4-E3-LCDR2

<400> 1375

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1376

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-LCDR3

<400> 1376

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1377

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-L

<400> 1377

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttggctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcaat 240

tctctggaga aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1378

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-LH

<400> 1378

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp
20 25 30
Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn
65 70 75 80

Ser Leu Glu Lys Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr
85 90 95
Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160
Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220
Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 1379

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3-LH

<400> 1379

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttggctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcaat 240

tctctggaga aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1380

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 4-E3 LH X I2C HL

<400> 1380

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ala Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Asn

65 70 75 80

Ser Leu Glu Lys Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
305 310 315 320
Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335
Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr
340 345 350
Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala
355 360 365
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400
Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr
405 410 415
Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp
420 425 430
Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr
435 440 445
Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460
Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu
465 470 475 480
Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly
485 490 495
Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 1381
<211> 1512
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> hCD19 4-E3 LH X I2C HL
<400

> 1381

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttggctgcgt ctgtagggga gagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caccatcaat 240

tctctggaga aggaggattt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1382

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -H

<400> 1382

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala 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 Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1383

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -HCDR1

<400> 1383

Ser Tyr Trp Met Asn

1 5

<210> 1384

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -HCDR2

<400> 1384

Gln Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1385

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -HCDR3

<400> 1385

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1386

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -H

<400> 1386

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgag gtggtgaagc ctggggcctc agtgaagatt 60

tcctgcaagg cttctggcta tgcattcact agctactgga tgaactgggt gaggcagcgc 120

cctggacagg gtcttgagtg gattggacag atttggcctg gagatggtga tactaactac 180

aatggaaagt tcaagggtag agtcactatg actgctgacg aatccaccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgcg atctgaggac actgcggtct attactgtgc aagacgggag 300

actacgacgg taggccgtta ttactatgct atggactact ggggccaagg gaccacggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1387

<211> 111

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -L

<400> 1387

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 1388

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -LCDR1

<400> 1388

Arg Ser Ser Lys Ser Leu Leu His Ser Asn Gly Asn Thr Tyr Leu Tyr

1 5 10 15

<210> 1389

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -LCDR2

<400> 1389

Arg Met Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1390

<211> 9

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -LCDR3

<400> 1390

Leu Gln His Leu Glu Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1391

<211> 333

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -L

<400> 1391

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatcagt 240

tctctgcagc cggaggatgt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaa 333

<210> 1392

<211> 250

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -LH

<400> 1392

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly
100 105 110
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val
115 120 125
Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val
130 135 140
Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met
145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln
165 170 175
Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly
180 185 190
Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu
195 200 205
Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg
210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp
225 230 235 240
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 1393

<211> 750

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 -LH

<400> 1393

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatcagt 240

tctctgcagc cggaggatgt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca 750

<210> 1394

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 LH X I2C HL

<400> 1394

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 Lys Ala Ser Gln Ser Val Asp Tyr Asp

20 25 30

Gly Thr Ser Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro

35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Leu Val Ser Gly Val Pro Ser

50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser

65 70 75 80

Ser Leu Gln Pro Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Thr

85 90 95

Glu Asp Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Gly

100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Val

115 120 125

Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala Ser Val

130 135 140

Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr Ser Tyr Trp Met

145 150 155 160

Asn Trp Val Arg Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Gln

165 170 175

Ile Trp Pro Gly Asp Gly Asp Thr Asn Tyr Asn Gly Lys Phe Lys Gly

180 185 190

Arg Val Thr Met Thr Ala Asp Glu Ser Thr Ser Thr Ala Tyr Met Glu

195 200 205

Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg

210 215 220

Arg Glu Thr Thr Thr Val Gly Arg Tyr Tyr Tyr Ala Met Asp Tyr Trp

225 230 235 240

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu

245 250 255

Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser

260 265 270

Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala

275 280 285

Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala

290 295 300

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

305 310 315 320

Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala

325 330 335

Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr

340 345 350

Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala

355 360 365

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr

385 390 395 400

Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr

405 410 415

Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp

420 425 430

Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr

435 440 445

Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu

450 455 460

Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu

465 470 475 480

Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly

485 490 495

Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1395

<211> 1512

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hCD19 3-H7 LH X I2C HL

<400> 1395

gacatccaga tgacccagtc tccatcttct ttgtctgcgt ctgtagggga cagagtcacc 60

atcacctgca aggccagcca aagtgttgat tatgatggta cgagttattt gaactggtac 120

caacagaaac caggaaaggc acccaaactc ctcatctatg atgcatccaa tctagtttct 180

ggggtcccat ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatcagt 240

tctctgcagc cggaggatgt cgcaacctat tactgtcagc aaagtactga ggatccgtgg 300

acgttcggtc aagggaccaa ggtggagatc aaaggtggtg gtggttctgg cggcggcggc 360

tccggtggtg gtggttctca ggtgcagctg gtccagtctg gggctgaggt ggtgaagcct 420

ggggcctcag tgaagatttc ctgcaaggct tctggctatg cattcactag ctactggatg 480

aactgggtga ggcagcgccc tggacagggt cttgagtgga ttggacagat ttggcctgga 540

gatggtgata ctaactacaa tggaaagttc aagggtagag tcactatgac tgctgacgaa 600

tccaccagca cagcctacat ggaactcagc agcctgcgat ctgaggacac tgcggtctat 660

tactgtgcaa gacgggagac tacgacggta ggccgttatt actatgctat ggactactgg 720

ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctcc ggaggtggtg gatccgaggt gcagctggtc 780

gagtctggag gaggattggt gcagcctgga gggtcattga aactctcatg tgcagcctct 840

ggattcacct tcaataagta cgccatgaac tgggtccgcc aggctccagg aaagggtttg 900

gaatgggttg ctcgcataag aagtaaatat aataattatg caacatatta tgccgattca 960

gtgaaagaca ggttcaccat ctccagagat gattcaaaaa acactgccta tctacaaatg 1020

aacaacttga aaactgagga cactgccgtg tactactgtg tgagacatgg gaacttcggt 1080

aatagctaca tatcctactg ggcttactgg ggccaaggga ctctggtcac cgtctcctca 1140

ggtggtggtg gttctggcgg cggcggctcc ggtggtggtg gttctcagac tgttgtgact 1200

caggaacctt cactcaccgt atcacctggt ggaacagtca cactcacttg tggctcctcg 1260

actggggctg ttacatctgg caactaccca aactgggtcc aacaaaaacc aggtcaggca 1320

ccccgtggtc taataggtgg gactaagttc ctcgcccccg gtactcctgc cagattctca 1380

ggctccctgc ttggaggcaa ggctgccctc accctctcag gggtacagcc agaggatgag 1440

gcagaatatt actgtgttct atggtacagc aaccgctggg tgttcggtgg aggaaccaaa 1500

ctgactgtcc ta 1512

<210> 1396

<211> 2952

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> cMET-1

<400> 1396

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgag 60

tgtaaagagg cactagcaaa gtccgagatg aatgtgaata tgaagtatca gcttcccaac 120

ttcaccgcgg aaacacccat ccagaatgtc attctacatg agcatcacat tttccttggt 180

gccactaact acatttatgt tttaaatgag gaagaccttc agaaggttgc tgagtacaag 240

actgggcctg tgctggaaca cccagattgt ttcccatgtc aggactgcag cagcaaagcc 300

aatttatcag gaggtgtttg gaaagataac atcaacatgg ctctagttgt ggacacctac 360

tatgatgatc aactcattag ctgtggcagc gtcaacagag ggacctgcca gcgacatgtc 420

tttccccaca atcatactgc tgacatacag tcggaggttc actgcatatt ctccccacag 480

atagaagagc ccagccagtg tcctgactgt gtggtgagcg ccctgggagc caaagtcctt 540

tcatctgtaa aggaccggtt catcaacttc tttgtaggca ataccataaa ttcttcttat 600

ttcccagatc atccattgca ttcgatatca gtgagaaggc taaaggaaac gaaagatggt 660

tttatgtttt tgacggacca gtcctacatt gatgttttac ctgagttcag agattcttac 720

cccattaagt atgtccatgc ctttgaaagc aacaatttta tttacttctt gacggtccaa 780

agggaaactc tagatgctca gacttttcac acaagaataa tcaggttctg ttccataaac 840

tctggattgc attcctacat ggaaatgcct ctggagtgta ttctcacaga aaagagaaaa 900

aagagatcca caaagaagga agtgtttaat atacttcagg ctgcgtatgt cagcaagcct 960

ggggcccagc ttgctagaca aataggagcc agcctgaatg atgacattct tttcggggtg 1020

ttcgcacaaa gcaagccaga ttctgccgaa ccaatggatc gatctgccat gtgtgcattc 1080

cctatcaaat atgtcaacga cttcttcaac aagatcgtca acaaaaacaa tgtgagatgt 1140

ctccagcatt tttacggacc caatcatgag cactgcttta ataggacact tctgagaaat 1200

tcatcaggct gtgaagcgcg ccgtgatgaa tatcgaacag agtttaccac agctttgcag 1260

cgcgttgact tattcatggg tcaattcagc gaagtcctct taacatctat atccaccttc 1320

attaaaggag acctcaccat agctaatctt gggacatcag agggtcgctt catgcaggtt 1380

gtggtttctc gatcaggacc atcaacccct catgtgaatt ttctcctgga ctcccatcca 1440

gtgtctccag aagtgattgt ggagcataca ttaaaccaaa atggctacac actggttatc 1500

actgggaaga agatcacgaa gatcccattg aatggcttgg gctgcagaca tttccagtcc 1560

tgcagtcaat gcctctctgc cccacccttt gttcagtgtg gctggtgcca cgacaaatgt 1620

gtgcgatcgg aggaatgcct gagcgggaca tggactcaac agatctgtct gcctgcaatc 1680

tacaaggttt tcccaaatag tgcacccctt gaaggaggga caaggctgac catatgtggc 1740

tgggactttg gatttcggag gaataataaa tttgatttaa agaaaactag agttctcctt 1800

ggaaatgaga gctgcacctt gactttaagt gagagcacga tgaatacatt gaaatgcaca 1860

gttggtcctg ccatgaataa gcatttcaat atgtccataa ttatttcaaa tggccacggg 1920

acaacacaat acagtacatt ctcctatgtg gatcctgtaa taacaagtat ttcgccgaaa 1980

tacggtccta tggctggtgg cactttactt actttaactg gaaattacct aaacagtggg 2040

aatagcagac acatttcaat tggtggaaaa acatgtactt taaaaagtgt gtcaaacagt 2100

attcttgaat gttatacccc agcccaaacc atttcaactg agtttgctgt taaattgaaa 2160

attgacttag ccaaccgaga gacaagcatc ttcagttacc gtgaagatcc cattgtctat 2220

gaaattcatc caaccaaatc ttttattagt ggtgggagca caataacagg tgttgggaaa 2280

aacctgaact cagttagtgt cccgagaatg gtcataaatg tgcatgaagc aggaaggaac 2340

tttacagtgg catgtcaaca tcgctctaat tcagagataa tctgttgtac cactccttcc 2400

ctgcaacagc tgaatctgca actccccctg aaaaccaaag ccttttttcat gttagatggg 2460

atcctttcca aatactttga tctcatttat gtacataatc ctgtgtttaa gccttttgaa 2520

aagccagtga tgatctcaat gggcaatgaa aatgtactgg aaattaaggg aaatgatatt 2580

gaccctgaag cagttaaagg tgaagtgtta aaagttggaa ataagagctg tgagaatata 2640

cacttacatt ctgaagccgt tttatgcacg gtccccaatg acctgctgaa attgaacagc 2700

gagctaaata tagagtggaa gcaagcaatt tcttcaaccg tccttggaaa agtaatagtt 2760

caaccagatc agaatttcac atccggaggt ggtggatccg gggctggtgt tattgctgtt 2820

attgtggttg tggtgatagc aattgttgct ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag 2880

aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa 2940

ctcaatgcat aa 2952

<210> 1397

<211> 983

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> cMET-2

<400> 1397

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

Val His Ser Glu Cys Lys Glu Ala Leu Ala Lys Ser Glu Met Asn Val

20 25 30

Asn Met Lys Tyr Gln Leu Pro Asn Phe Thr Ala Glu Thr Pro Ile Gln

35 40 45

Asn Val Ile Leu His Glu His His Ile Phe Leu Gly Ala Thr Asn Tyr

50 55 60

Ile Tyr Val Leu Asn Glu Glu Asp Leu Gln Lys Val Ala Glu Tyr Lys

65 70 75 80

Thr Gly Pro Val Leu Glu His Pro Asp Cys Phe Pro Cys Gln Asp Cys

85 90 95

Ser Ser Lys Ala Asn Leu Ser Gly Gly Val Trp Lys Asp Asn Ile Asn

100 105 110

Met Ala Leu Val Val Asp Thr Tyr Tyr Asp Asp Gln Leu Ile Ser Cys
115 120 125
Gly Ser Val Asn Arg Gly Thr Cys Gln Arg His Val Phe Pro His Asn

130 135 140
His Thr Ala Asp Ile Gln Ser Glu Val His Cys Ile Phe Ser Pro Gln
145 150 155 160
Ile Glu Glu Pro Ser Gln Cys Pro Asp Cys Val Val Ser Ala Leu Gly
165 170 175
Ala Lys Val Leu Ser Ser Val Lys Asp Arg Phe Ile Asn Phe Phe Val
180 185 190
Gly Asn Thr Ile Asn Ser Ser Tyr Phe Pro Asp His Pro Leu His Ser

195 200 205
Ile Ser Val Arg Arg Leu Lys Glu Thr Lys Asp Gly Phe Met Phe Leu
210 215 220
Thr Asp Gln Ser Tyr Ile Asp Val Leu Pro Glu Phe Arg Asp Ser Tyr
225 230 235 240
Pro Ile Lys Tyr Val His Ala Phe Glu Ser Asn Asn Phe Ile Tyr Phe
245 250 255
Leu Thr Val Gln Arg Glu Thr Leu Asp Ala Gln Thr Phe His Thr Arg

260 265 270
Ile Ile Arg Phe Cys Ser Ile Asn Ser Gly Leu His Ser Tyr Met Glu
275 280 285
Met Pro Leu Glu Cys Ile Leu Thr Glu Lys Arg Lys Lys Arg Ser Thr
290 295 300
Lys Lys Glu Val Phe Asn Ile Leu Gln Ala Ala Tyr Val Ser Lys Pro
305 310 315 320
Gly Ala Gln Leu Ala Arg Gln Ile Gly Ala Ser Leu Asn Asp Asp Ile

325 330 335
Leu Phe Gly Val Phe Ala Gln Ser Lys Pro Asp Ser Ala Glu Pro Met
340 345 350
Asp Arg Ser Ala Met Cys Ala Phe Pro Ile Lys Tyr Val Asn Asp Phe

355 360 365

Phe Asn Lys Ile Val Asn Lys Asn Asn Val Arg Cys Leu Gln His Phe

370 375 380

Tyr Gly Pro Asn His Glu His Cys Phe Asn Arg Thr Leu Leu Arg Asn

385 390 395 400

Ser Ser Gly Cys Glu Ala Arg Arg Asp Glu Tyr Arg Thr Glu Phe Thr

405 410 415

Thr Ala Leu Gln Arg Val Asp Leu Phe Met Gly Gln Phe Ser Glu Val

420 425 430

Leu Leu Thr Ser Ile Ser Thr Phe Ile Lys Gly Asp Leu Thr Ile Ala

435 440 445

Asn Leu Gly Thr Ser Glu Gly Arg Phe Met Gln Val Val Val Ser Arg

450 455 460

Ser Gly Pro Ser Thr Pro His Val Asn Phe Leu Leu Asp Ser His Pro

465 470 475 480

Val Ser Pro Glu Val Ile Val Glu His Thr Leu Asn Gln Asn Gly Tyr

485 490 495

Thr Leu Val Ile Thr Gly Lys Lys Ile Thr Lys Ile Pro Leu Asn Gly

500 505 510

Leu Gly Cys Arg His Phe Gln Ser Cys Ser Gln Cys Leu Ser Ala Pro

515 520 525

Pro Phe Val Gln Cys Gly Trp Cys His Asp Lys Cys Val Arg Ser Glu

530 535 540

Glu Cys Leu Ser Gly Thr Trp Thr Gln Gln Ile Cys Leu Pro Ala Ile

545 550 555 560

Tyr Lys Val Phe Pro Asn Ser Ala Pro Leu Glu Gly Gly Thr Arg Leu

565 570 575

Thr Ile Cys Gly Trp Asp Phe Gly Phe Arg Arg Asn Asn Lys Phe Asp

580 585 590

Leu Lys Lys Thr Arg Val Leu Leu Gly Asn Glu Ser Cys Thr Leu Thr

595 600 605

Leu Ser Glu Ser Thr Met Asn Thr Leu Lys Cys Thr Val Gly Pro Ala
610 615 620
Met Asn Lys His Phe Asn Met Ser Ile Ile Ile Ser Asn Gly His Gly
625 630 635 640
Thr Thr Gln Tyr Ser Thr Phe Ser Tyr Val Asp Pro Val Ile Thr Ser

645 650 655
Ile Ser Pro Lys Tyr Gly Pro Met Ala Gly Gly Thr Leu Leu Thr Leu
660 665 670
Thr Gly Asn Tyr Leu Asn Ser Gly Asn Ser Arg His Ile Ser Ile Gly
675 680 685
Gly Lys Thr Cys Thr Leu Lys Ser Val Ser Asn Ser Ile Leu Glu Cys
690 695 700
Tyr Thr Pro Ala Gln Thr Ile Ser Thr Glu Phe Ala Val Lys Leu Lys

705 710 715 720
Ile Asp Leu Ala Asn Arg Glu Thr Ser Ile Phe Ser Tyr Arg Glu Asp
725 730 735
Pro Ile Val Tyr Glu Ile His Pro Thr Lys Ser Phe Ile Ser Gly Gly
740 745 750
Ser Thr Ile Thr Gly Val Gly Lys Asn Leu Asn Ser Val Ser Val Pro
755 760 765
Arg Met Val Ile Asn Val His Glu Ala Gly Arg Asn Phe Thr Val Ala

770 775 780
Cys Gln His Arg Ser Asn Ser Glu Ile Ile Cys Cys Thr Thr Pro Ser
785 790 795 800
Leu Gln Gln Leu Asn Leu Gln Leu Pro Leu Lys Thr Lys Ala Phe Phe
805 810 815
Met Leu Asp Gly Ile Leu Ser Lys Tyr Phe Asp Leu Ile Tyr Val His
820 825 830
Asn Pro Val Phe Lys Pro Phe Glu Lys Pro Val Met Ile Ser Met Gly

835 840 845
Asn Glu Asn Val Leu Glu Ile Lys Gly Asn Asp Ile Asp Pro Glu Ala

850 855 860

Val Lys Gly Glu Val Leu Lys Val Gly Asn Lys Ser Cys Glu Asn Ile

865 870 875 880

His Leu His Ser Glu Ala Val Leu Cys Thr Val Pro Asn Asp Leu Leu

885 890 895

Lys Leu Asn Ser Glu Leu Asn Ile Glu Trp Lys Gln Ala Ile Ser Ser

900 905 910

Thr Val Leu Gly Lys Val Ile Val Gln Pro Asp Gln Asn Phe Thr Ser

915 920 925

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Ala Gly Val Ile Ala Val Ile Val Val Val

930 935 940

Val Ile Ala Ile Val Ala Gly Ile Val Val Leu Val Ile Ser Arg Lys

945 950 955 960

Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu Ile Lys Glu Met Gly Glu

965 970 975

Met His Arg Glu Leu Asn Ala

980

<210> 1398

<211> 2952

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> cMET-3

<400> 1398

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgag 60

tgtaaagagg cactagcaaa gtccgagatg aatgtgaata tgaagtatca gcttcccaac 120

ttcaccgcgg aaacagccat ccagaatgtc attctacatg agcatcacat tttcctcggt 180

gccaccaact acatttatgt tttaaatgag gaagaccttc agaaggttgc tgagtacaag 240

accgggcctg tgctggaaca cccagattgt ttcccgtgtc aggactgcag cagcaaagcc 300

aatttatcag gaggcgtttg gaaagataac atcaacatgg ctctggttgt ggacacctac 360

tatgatgatc aactcattag ctgtggcagc gtcaacagag ggacctgcca gcgacatgtc 420

tttccccata atcatactgc tgacatacag tcggaggttc actgcatatt ctccccacag 480

atagaagagc ccaaccagtg ccctgactgt gtggtgagcg ccctgggagc caaagtcctt 540

tcatctgtaa aggaccggtt catcaacttc tttgtaggca ataccataaa ttcttcttat 600

ttcccacatc atccgttgca ttcgatatca gtgagaaggc taaaggaaac gaaagatggt 660

tttatgtttt tgacagacca gtcctacatt gatgttttac ctgagttcag agattcttac 720

cccattaagt acatccacgc ttttgaaagc aacaatttta tttacttctt gacggtccaa 780

agggaaactc taaatgctca gacttttcac acaagaataa tcaggttctg ttccttaaac 840

tctggattgc actcctacat ggaaatgcct ctagagtgta ttctcacaga aaagagaaaa 900

aagagatcca caaagaagga agtgtttaat atccttcagg ctgcatatgt cagcaagccc 960

ggggcccagc ttgctagaca aataggagcc agcctgaatg atgacattct ctttggggtg 1020

ttcgcacaaa gcaagccaga ttctgccgaa ccaatggatc gatctgcaat gtgtgcattt 1080

cctatcaaat atgtcaacga cttcttcaac aagatcgtca acaaaaacaa tgtgagatgt 1140

ctccagcatt tttatggacc caatcatgag cactgtttta ataggacact tctgagaaat 1200

tcatcaggct gtgaagcgcg ccgtgatgaa tatcgagcag agtttaccac agctttgcag 1260

cgggttgact tattcatggg tcaattcagc gaagtcctct taacatctat atccaccttc 1320

gtgaaaggag acctcaccat cgctaatctt gggacatcag agggtcgctt catgcaggtt 1380

gtggtttctc gatcaggacc atcaacccct catgtgaatt ttctcctgga ctctcacccg 1440

gtgtctccag aagtgattgt ggagcatcca ttaaaccaga atggctacac actggttgtc 1500

acggggaaga agatcaccaa gatcccattg aatggcttgg gctgcagaca tttccagtcc 1560

tgcagtcagt gcctctctgc cccacccttt gtgcagtgtg gctggtgcca cgacaaatgt 1620

gtgcgatcgg aggaatgccc cagtgggaca tggactcaac agatctgtct gcctgcaatc 1680

tacaaggttt tcccaactag tgcacccctt gaaggaggga caaggctgac catatgtggc 1740

tgggactttg gatttcggag gaataataaa tttgatttaa agaaaactag agttctcctt 1800

ggaaatgaga gctgcacctt gactttaagt gagagcacga tgaatacatt gaaatgcaca 1860

gttggtcctg ccatgaataa acatttcaat atgtccataa ttatttcaaa tggccacggg 1920

acaacacaat acagtacatt ttcctatgtg gatcctataa taacaagtat ttcgccaaaa 1980

tatggcccta tggctggtgg cactttactt actttaactg gaaattacct aaacagtggc 2040

aattctagac acatttcaat tggtggaaaa acatgtactt taaaaagtgt gtcaaacagt 2100

attctcgaat gttatacccc agcccaaacc atttcaactg agtttgctgt taaattgaaa 2160

attgacttag ccaaccgaga gacaagcatc ttcagttacc gggaagaccc cattgtctat 2220

gaaattcatc caaccaaatc ttttattagt ggtgggagca caataacagg tgttgggaaa 2280

aacctgcatt cagttagtgt cccgaggatg gtcataaatg tgcatgaagc aggaaggaac 2340

tttacagtgg catgtcagca tcgctctaat tcagagataa tctgctgtac cactccttcc 2400

ctgcaacagc tgaatctgca actccccctg aaaaccaaag ccttttttcat gttagatggg 2460

atcctttcca aatactttga tctcatttat gtacataatc ctgtgtttaa gccttttgaa 2520

aagccagtaa tgatctcaat gggcaatgaa aatgtactgg aaattaaggg aaatgatatt 2580

gaccctgaag cagttaaagg tgaagtgtta aaagttggaa ataagagctg tgagaatata 2640

cacttacatt ctgaagccgt tttatgcacg gtccccaatg acctgctgaa attgaacagc 2700

gagctaaata tagagtggaa gcaagcaatt tcttcaaccg tccttggaaa agtaatagtt 2760

caaccagatc agaatttcac ctccggaggt ggtggatccg gggctggtgt tattgctgtt 2820

attgtggttg tggtgatagc aattgttgct ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag 2880

aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa 2940

ctcaatgcat aa 2952

<210> 1399

<211> 983

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> cMET-4

<400> 1399

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Glu Cys Lys Glu Ala Leu Ala Lys Ser Glu Met Asn Val
20 25 30

Asn Met Lys Tyr Gln Leu Pro Asn Phe Thr Ala Glu Thr Ala Ile Gln
35 40 45

Asn Val Ile Leu His Glu His His Ile Phe Leu Gly Ala Thr Asn Tyr
50 55 60

Ile Tyr Val Leu Asn Glu Glu Asp Leu Gln Lys Val Ala Glu Tyr Lys
65 70 75 80

Thr Gly Pro Val Leu Glu His Pro Asp Cys Phe Pro Cys Gln Asp Cys
85 90 95

Ser Ser Lys Ala Asn Leu Ser Gly Gly Val Trp Lys Asp Asn Ile Asn

100 105 110

Met Ala Leu Val Val Asp Thr Tyr Tyr Asp Asp Gln Leu Ile Ser Cys

115 120 125

Gly Ser Val Asn Arg Gly Thr Cys Gln Arg His Val Phe Pro His Asn

130 135 140

His Thr Ala Asp Ile Gln Ser Glu Val His Cys Ile Phe Ser Pro Gln

145 150 155 160

Ile Glu Glu Pro Asn Gln Cys Pro Asp Cys Val Val Ser Ala Leu Gly

165 170 175

Ala Lys Val Leu Ser Ser Val Lys Asp Arg Phe Ile Asn Phe Phe Val

180 185 190

Gly Asn Thr Ile Asn Ser Ser Tyr Phe Pro His His Pro Leu His Ser

195 200 205

Ile Ser Val Arg Arg Leu Lys Glu Thr Lys Asp Gly Phe Met Phe Leu

210 215 220

Thr Asp Gln Ser Tyr Ile Asp Val Leu Pro Glu Phe Arg Asp Ser Tyr

225 230 235 240

Pro Ile Lys Tyr Ile His Ala Phe Glu Ser Asn Asn Phe Ile Tyr Phe

245 250 255

Leu Thr Val Gln Arg Glu Thr Leu Asn Ala Gln Thr Phe His Thr Arg

260 265 270

Ile Ile Arg Phe Cys Ser Leu Asn Ser Gly Leu His Ser Tyr Met Glu

275 280 285

Met Pro Leu Glu Cys Ile Leu Thr Glu Lys Arg Lys Lys Arg Ser Thr

290 295 300

Lys Lys Glu Val Phe Asn Ile Leu Gln Ala Ala Tyr Val Ser Lys Pro

305 310 315 320

Gly Ala Gln Leu Ala Arg Gln Ile Gly Ala Ser Leu Asn Asp Asp Ile

325 330 335

Leu Phe Gly Val Phe Ala Gln Ser Lys Pro Asp Ser Ala Glu Pro Met

340 345 350

Asp Arg Ser Ala Met Cys Ala Phe Pro Ile Lys Tyr Val Asn Asp Phe
355 360 365
Phe Asn Lys Ile Val Asn Lys Asn Asn Val Arg Cys Leu Gln His Phe
370 375 380
Tyr Gly Pro Asn His Glu His Cys Phe Asn Arg Thr Leu Leu Arg Asn
385 390 395 400

Ser Ser Gly Cys Glu Ala Arg Arg Asp Glu Tyr Arg Ala Glu Phe Thr
405 410 415
Thr Ala Leu Gln Arg Val Asp Leu Phe Met Gly Gln Phe Ser Glu Val
420 425 430
Leu Leu Thr Ser Ile Ser Thr Phe Val Lys Gly Asp Leu Thr Ile Ala
435 440 445
Asn Leu Gly Thr Ser Glu Gly Arg Phe Met Gln Val Val Val Ser Arg
450 455 460

Ser Gly Pro Ser Thr Pro His Val Asn Phe Leu Leu Asp Ser His Pro
465 470 475 480
Val Ser Pro Glu Val Ile Val Glu His Pro Leu Asn Gln Asn Gly Tyr
485 490 495
Thr Leu Val Val Thr Gly Lys Lys Ile Thr Lys Ile Pro Leu Asn Gly
500 505 510
Leu Gly Cys Arg His Phe Gln Ser Cys Ser Gln Cys Leu Ser Ala Pro
515 520 525

Pro Phe Val Gln Cys Gly Trp Cys His Asp Lys Cys Val Arg Ser Glu
530 535 540
Glu Cys Pro Ser Gly Thr Trp Thr Gln Gln Ile Cys Leu Pro Ala Ile
545 550 555 560
Tyr Lys Val Phe Pro Thr Ser Ala Pro Leu Glu Gly Gly Thr Arg Leu
565 570 575
Thr Ile Cys Gly Trp Asp Phe Gly Phe Arg Arg Asn Asn Lys Phe Asp
580 585 590

Leu Lys Lys Thr Arg Val Leu Leu Gly Asn Glu Ser Cys Thr Leu Thr

595 600 605

Leu Ser Glu Ser Thr Met Asn Thr Leu Lys Cys Thr Val Gly Pro Ala

610 615 620

Met Asn Lys His Phe Asn Met Ser Ile Ile Ile Ser Asn Gly His Gly

625 630 635 640

Thr Thr Gln Tyr Ser Thr Phe Ser Tyr Val Asp Pro Ile Ile Thr Ser

645 650 655

Ile Ser Pro Lys Tyr Gly Pro Met Ala Gly Gly Thr Leu Leu Thr Leu

660 665 670

Thr Gly Asn Tyr Leu Asn Ser Gly Asn Ser Arg His Ile Ser Ile Gly

675 680 685

Gly Lys Thr Cys Thr Leu Lys Ser Val Ser Asn Ser Ile Leu Glu Cys

690 695 700

Tyr Thr Pro Ala Gln Thr Ile Ser Thr Glu Phe Ala Val Lys Leu Lys

705 710 715 720

Ile Asp Leu Ala Asn Arg Glu Thr Ser Ile Phe Ser Tyr Arg Glu Asp

725 730 735

Pro Ile Val Tyr Glu Ile His Pro Thr Lys Ser Phe Ile Ser Gly Gly

740 745 750

Ser Thr Ile Thr Gly Val Gly Lys Asn Leu His Ser Val Ser Val Pro

755 760 765

Arg Met Val Ile Asn Val His Glu Ala Gly Arg Asn Phe Thr Val Ala

770 775 780

Cys Gln His Arg Ser Asn Ser Glu Ile Ile Cys Cys Thr Thr Pro Ser

785 790 795 800

Leu Gln Gln Leu Asn Leu Gln Leu Pro Leu Lys Thr Lys Ala Phe Phe

805 810 815

Met Leu Asp Gly Ile Leu Ser Lys Tyr Phe Asp Leu Ile Tyr Val His

820 825 830

Asn Pro Val Phe Lys Pro Phe Glu Lys Pro Val Met Ile Ser Met Gly

835 840 845

Asn Glu Asn Val Leu Glu Ile Lys Gly Asn Asp Ile Asp Pro Glu Ala
850 855 860
Val Lys Gly Glu Val Leu Lys Val Gly Asn Lys Ser Cys Glu Asn Ile
865 870 875 880
His Leu His Ser Glu Ala Val Leu Cys Thr Val Pro Asn Asp Leu Leu
885 890 895
Lys Leu Asn Ser Glu Leu Asn Ile Glu Trp Lys Gln Ala Ile Ser Ser
900 905 910

Thr Val Leu Gly Lys Val Ile Val Gln Pro Asp Gln Asn Phe Thr Ser
915 920 925
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Ala Gly Val Ile Ala Val Ile Val Val Val
930 935 940
Val Ile Ala Ile Val Ala Gly Ile Val Val Leu Val Ile Ser Arg Lys
945 950 955 960
Lys Arg Met Ala Lys Tyr Glu Lys Ala Glu Ile Lys Glu Met Gly Glu
965 970 975

Met His Arg Glu Leu Asn Ala
980

<210> 1400
<211> 119
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME86H11-H
<400> 1400
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30
Trp Leu His Trp Val Arg Gln Gly Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Ala Thr Phe Thr Val 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
Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1401
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME86H11-HCDR1
<400> 1401
Ser Tyr Trp Leu His
1 5

<210> 1402
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME86H11-HCDR2
<400> 1402
Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe Lys
1 5 10 15
Asp

<210> 1403
<211> 10
<212> PRT
<213
> Artificial Sequence
<220><223> ME86H11-HCDR3
<400> 1403
Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 1404

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-H

<400> 1404

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgaagaggc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaggg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagggg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggccacattc actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1405

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-L

<400> 1405

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1406

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-LCDR1

<400> 1406

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1407

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-LCDR2

<400> 1407

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1408

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-LCDR3

<400> 1408

Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 1409

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-L

<400> 1409

gacatcgtga tgacccagac tccattctcc ctacctgtga cacttggaga gacggtttct 60

atcagctgca agtccagtca gtccctttta tatactagca gtcagaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaaaccagg tcagtctcct caactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagattt cactctcaaa 240

atctccagag tggaggctga ggacgtggga gtttattact gtcagcaata ttatgcctat 300

ccgtggacgt tcggtggagg cacaaagttg gagatcaaa 339

<210> 1410

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-HL

<400> 1410

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Gly Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Ala Thr Phe Thr Val 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

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Phe Ser
130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr

165 170 175

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly

210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1411

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11-HL

<400> 1411

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgaagaggc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaggg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagggg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggccacattc actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccattct ccctacctgt gacacttgga gagacggttt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctcaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag agtggaggct 660

gaggacgtgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa a 741

<210> 1412

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11 HL x I2C HL

<400> 1412

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Gly Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Ala Thr Phe Thr Val 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

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Phe Ser
130 135 140

Leu Pro Val Thr Leu Gly Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser
180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly
210 215 220
Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln
245 250 255
Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys
260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
275 280 285
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300
Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430
Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1413

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME86H11 HL x I2C HL

<400> 1413

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgaagaggc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaggg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagggg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggccacattc actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccattct ccctacctgt gacacttgga gagacggttt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctcaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag agtggaggct 660

gaggacgtgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1414

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-H

<400> 1414

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Lys Val Thr Phe Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1415

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-HCDR1

<400> 1415

Ser Tyr Trp Leu His

1 5

<210> 1416

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-HCDR2

<400

> 1416

Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1417

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-HCDR3

<400> 1417

Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 1418

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-H

<400> 1418

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtggtgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagacg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacaa ggtcacattc actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1419

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-L

<400> 1419

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Ser Val Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1420

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-LCDR1

<400> 1420

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1421

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-LCDR2

<400> 1421

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1422

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-LCDR3

<400> 1422

Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 1423

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223

> ME62A12-L

<400> 1423

gacatcgtga tgacccagac tccactctcc ctacctgtga cacttggaga gaaggtttct 60

gtcagctgca agtccagtca gtccctttta tatactagca gtcagaagaa ctacttggcc 120

tggtaccagc agaaaccagg tcagtctcct aaactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagattt cactctcaca 240

atctccagag tggaggctga ggacctggga gtttattact gtcagcaata ttatgcctat 300

ccgtggacgt tcggtggagg cacaaagttg gagatcaaa 339

<210> 1424

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-HL

<400> 1424

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Lys Val Thr Phe Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Glu Lys Val Ser Val Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly
210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1425

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12-HL

<400> 1425

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtggtgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagacg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacaa ggtcacattc actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccactct ccctacctgt gacacttgga gagaaggttt ctgtcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacca gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctaaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca caatctccag agtggaggct 660

gaggacctgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa a 741

<210> 1426

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12 HL x I2C HL

<400> 1426

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Lys Val Thr Phe Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Ser 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 Glu Lys Val Ser Val Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr

165 170 175

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly

210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys
260 265 270
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
275 280 285
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445
Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
450 455 460
Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu
465 470 475 480
Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1427

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A12 HL x I2C HL

<400> 1427

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtggtgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagacg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacaa ggtcacattc actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccactct ccctacctgt gacacttgga gagaaggttt ctgtcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacca gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctaaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca caatctccag agtggaggct 660

gaggacctgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1428

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-H

<400> 1428

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Val Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1429

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-HCDR1

<400> 1429

Ser Tyr Trp Leu His
1 5

<210> 1430

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-HCDR2

<400> 1430

Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1431

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-HCDR3

<400> 1431

Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 1432

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-H

<400> 1432

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgaagaggc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagacg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatg actgtagaca catctgccaa cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1433

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-L

<400> 1433

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Val Gly
1 5 10 15

Glu Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr
20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys

<210> 1434

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-LCDR1

<400> 1434

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 1435

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-LCDR2

<400> 1435

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1436

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-LCDR3

<400> 1436

Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 1437

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-L

<400> 1437

gacatcgtga tgacccagac tccactctcc ctacctgtga cagttggaga gcaggcttct 60

atcagctgca agtccagtca gtccctttta tatactagca gtcagaagaa ctacttggcc 120

tggtaccagc agaaaccagg tcagtctcct aaactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagattt cactctcaaa 240

atctccagag tggaggctga ggacctggga gtttattact gtcagcaata ttatgcctat 300

ccgtggacgt tcggtggagg cacaaagttg gagatcaaa 339

<210> 1438

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-HL

<400> 1438

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60
Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Val Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Ser 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 Val Gly Glu Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175
Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser
180 185 190
Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205
Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly
210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1439

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2-HL

<400> 1439

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgaagaggc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagacg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatg actgtagaca catctgccaa cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccactct ccctacctgt gacagttgga gagcaggctt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacca gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctaaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag agtggaggct 660

gaggacctgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa a 741

<210> 1440

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME63F2 HL x I2C HL

<400> 1440

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Arg Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Val Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Ser 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 Val Gly Glu Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr

165 170 175

Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly

210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430
Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445
Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
450 455 460
Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480
Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495
Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 1441
<211> 1506
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME63F2 HL x I2C HL
<400> 1441
caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgaagaggc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacagacg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatg actgtagaca catctgccaa cacagcctac 240

atggaactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccactct ccctacctgt gacagttgga gagcaggctt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacca gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctaaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag agtggaggct 660

gaggacctgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1442

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-H

<400> 1442

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Leu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1443

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-HCDR1

<400> 1443

Ser Tyr Trp Leu His

1 5

<210> 1444

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-HCDR2

<400

> 1444

Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1445

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-HCDR3

<400> 1445

Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 1446

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-H

<400> 1446

caggtgcagc tggtccagtc tgggcctgaa gtggtgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt taaacaggcg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggccacattg actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atgctactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1447

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-L

<400> 1447

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Pro Val Thr Leu Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Lys Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1448

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-LCDR1

<400> 1448

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1449

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-LCDR2

<400> 1449

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1450

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-LCDR3

<400> 1450

Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 1451

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223

> ME62D11-L

<400> 1451

gacatcgtga tgacccagac tccatcctcc ctacctgtga cacttggaga gacggtttct 60

atcagctgca agtccagtca gtccctttta tatactagca gtcagaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaaaccagg tcagtctcct caactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagattt cactctcaca 240

atctccagag tgaaggctga ggacgtggca gtttattact gtcagcaata ttatgcctat 300

ccgtggacgt tcggtggagg cacaaagttg gagatcaaa 339

<210> 1452

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11-HL

<400> 1452

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Leu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Ser 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 Ser Ser
130 135 140
Leu Pro Val Thr Leu Gly Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160
Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190
Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205
Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Lys Ala Glu Asp Val Ala
210 215 220
Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1453
<211> 741
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME62D11-HL
<400> 1453
caggtgcagc tggtccagtc tgggcctgaa gtggtgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60
tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt taaacaggcg 120
cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180
aatccgaact tcaaggacag ggccacattg actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atgctactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccatcct ccctacctgt gacacttgga gagacggttt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctcaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca caatctccag agtgaaggct 660

gaggacgtgg cagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa a 741

<210> 1454

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11 HL x I2C HL

<400> 1454

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Ala Thr Leu Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Leu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Ser Ser
130 135 140
Leu Pro Val Thr Leu Gly Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160
Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser
180 185 190
Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205
Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Lys Ala Glu Asp Val Ala
210 215 220
Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln
245 250 255
Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys
260 265 270
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
275 280 285
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1455

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62D11 HL x I2C HL

<400> 1455

caggtgcagc tggtccagtc tgggcctgaa gtggtgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt taaacaggcg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggccacattg actgtagaca catctgccag cacagcctac 240

atgctactca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccatcct ccctacctgt gacacttgga gagacggttt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctcaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca caatctccag agtgaaggct 660

gaggacgtgg cagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1456

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-H

<400> 1456

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala 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 Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1457
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME62C10-HCDR1
<400> 1457
Ser Tyr Trp Leu His
1 5
<210> 1458
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME62C10-HCDR2
<400> 1458
Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe Lys
1 5 10 15
Asp

<210> 1459
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME62C10-HCDR3
<400> 1459

Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 1460

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-H

<400> 1460

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa ctgaagaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt taaacaggcg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatc actgtagaca catctgccaa cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1461

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-L

<400> 1461

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Pro Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Asp Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1462

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-LCDR1

<400> 1462

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1463

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-LCDR2

<400> 1463

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1464

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-LCDR3

<400> 1464

Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 1465

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-L

<400> 1465

gacatcgtga tgacccagac tccaccctcc ctaactgtga cacctggaga gcaggtttct 60

atcagctgca agtccagtca gtccctttta tatactagca gtcagaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaaaccagg tcagtctcct aaactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagattt cactctcaaa 240

atctccagtg tggaggctga cgacgtggga gtttattact gtcagcaata ttatgcctat 300

ccgtggacgt tcggtggagg cacaaagttg gagatcaaa 339

<210> 1466

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10-HL

<400> 1466

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala 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 Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Pro Ser
130 135 140

Leu Thr Val Thr Pro Gly Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser
180 185 190
Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205
Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Val Glu Ala Asp Asp Val Gly
210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1467
<211> 741
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> ME62C10-HL
<400> 1467

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa ctgaagaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60
tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt taaacaggcg 120
cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatc actgtagaca catctgccaa cacagcctac 240
atggagctca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300
agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360
ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420
actccaccct ccctaactgt gacacctgga gagcaggttt ctatcagctg caagtccagt 480
cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540
ggtcagtctc ctaaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag tgtggaggct 660
gacgacgtgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa a 741

<210> 1468

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10 HL x I2C HL

<400> 1468

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala 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 Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe
50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala 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 Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Pro Ser
130 135 140

Leu Thr Val Thr Pro Gly Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser
180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Val Glu Ala Asp Asp Val Gly

210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1469

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62C10 HL x I2C HL

<400> 1469

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa ctgaagaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaagg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt taaacaggcg 120

cctggacaaa ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatc actgtagaca catctgccaa cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccaccct ccctaactgt gacacctgga gagcaggttt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctaaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag tgtggaggct 660

gacgacgtgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1470

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-H

<400> 1470

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Met Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Val 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 Tyr Cys

85 90 95

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Ser Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1471

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-HCDR1

<400> 1471

Ser Tyr Trp Leu His

1 5

<210> 1472

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-HCDR2

<400

> 1472

Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1473

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-HCDR3

<400> 1473

Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr

1 5 10

<210> 1474

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-H

<400> 1474

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgatgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaggg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacaggcg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatg actgtagaca catcttccag cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1475

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-L

<400> 1475

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Ala Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr

20 25 30

Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1476

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-LCDR1

<400> 1476

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1477

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-LCDR2

<400> 1477

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1478

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-LCDR3

<400> 1478

Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr

1 5

<210> 1479

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223>

ME62A4-L

<400> 1479

gacatcgtga tgacccagac tccattctcc ctacctgtga cagctggaga gacggtttct 60

atcagctgca agtccagtca gtccctttta tatactagca gtcagaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaaaccagg tcagtctcct caactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagattt cactctcaaa 240

atctccagag tggaggctga ggacgtggga gtttattact gtcagcaata ttatgcctat 300

ccgtggacgt tcggtggagg cacaaagttg gagatcaaa 339

<210> 1480

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-HL

<400> 1480

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Met Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Val 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 Tyr Cys
85 90 95

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Ser 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 Phe Ser
130 135 140

Leu Pro Val Thr Ala Gly Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser
145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr
165 170 175

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly
210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1481

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4-HL

<400> 1481

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgatgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaggg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacaggcg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatg actgtagaca catcttccag cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccattct ccctacctgt gacagctgga gagacggttt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctcaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag agtggaggct 660

gaggacgtgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa a 741

<210> 1482

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4 HL x I2C HL

<400> 1482

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Met Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Arg Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Leu His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Met Ile Asp Pro Ser Asn Ser Asp Thr Arg Phe Asn Pro Asn Phe

50 55 60

Lys Asp Arg Val Thr Met Thr Val 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 Tyr Cys

85 90 95

Ala Thr Tyr Gly Ser Tyr Val Ser Pro Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Ser 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 Phe Ser

130 135 140

Leu Pro Val Thr Ala Gly Glu Thr Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser

145 150 155 160

Gln Ser Leu Leu Tyr Thr Ser Ser Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr

165 170 175

Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser

180 185 190

Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly

210 215 220

Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ala Tyr Pro Trp Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys
260 265 270
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
275 280 285
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445
Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
450 455 460
Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu
465 470 475 480
Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1483

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ME62A4 HL x I2C HL

<400> 1483

caggtgcagc tggtccagtc tggggctgaa gtgatgaagc ctggggcttc agtgaaagtg 60

tcctgcaggg cttcgggcta taccttcacc agctactggt tgcactgggt tagacaggcg 120

cctggacaag ggcttgagtg gataggcatg attgatcctt ccaatagtga cactaggttt 180

aatccgaact tcaaggacag ggtcacaatg actgtagaca catcttccag cacagcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc cacatatggt 300

agctacgttt cccctctgga ctactggggt caaggaacct cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgacatcgt gatgacccag 420

actccattct ccctacctgt gacagctgga gagacggttt ctatcagctg caagtccagt 480

cagtcccttt tatatactag cagtcagaag aactacttgg cctggtacct gcagaaacca 540

ggtcagtctc ctcaactgct gatttactgg gcatccacta gggaatctgg ggtccctgat 600

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca aaatctccag agtggaggct 660

gaggacgtgg gagtttatta ctgtcagcaa tattatgcct atccgtggac gttcggtgga 720

ggcacaaagt tggagatcaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1484

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1484

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 1485

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1485

Lys Tyr Trp Ile Gly
1 5

<210> 1486

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1486

Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1487

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1487

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly Met Asp Phe

1 5 10 15

<210> 1488

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1488

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttatgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactccgcca tctattactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg acttctgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1489

<211> 107

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1489

Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Thr Phe Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Thr Asn Leu Ala Asp Gly Met Ser Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Arg Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Ser Ser Leu His Pro

65 70 75 80

Asp Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Asn Val Leu Ser Thr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1490

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1490

Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 1491

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1491

Gly Ala Thr Asn Leu Ala Asp

1 5

<210> 1492

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1492

Gln Asn Val Leu Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1493

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1493

gagctccaga tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga acctgtcacc 60

ttcacatgtc gagcaagtga gaatatttac agttatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct gatctatggt gcaaccaact tggcagatgg catgtcatcg 180

aggttcagtg gcagtggatc tggtagacag tattctctca agatcagtag cctgcatcct 240

gacgatgttg caacgtatta ctgtcaaaat gtgttaagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1494

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1494

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Gln

130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Pro Val
145 150 155 160
Thr Phe Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala Trp
165 170 175
Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Gly Ala
180 185 190
Thr Asn Leu Ala Asp Gly Met Ser Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Arg Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Ser Ser Leu His Pro Asp Asp Val
210 215 220
Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Asn Val Leu Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly
225 230 235 240
Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1495
<211> 744
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1495

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60
atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttatgctaac 180
tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240
tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactccgcca tctattactg tgcaagatcg 300
gggtatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg acttctgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420
tctgagctcc agatgaccca gtctccagcc tccctatctg catctgtggg agaacctgtc 480
accttcacat gtcgagcaag tgagaatatt tacagttatt tagcatggta tcagcagaaa 540

cagggaaaat ctcctcagct cctgatctat ggtgcaacca acttggcaga tggcatgtca 600
tcgaggttca gtggcagtgg atctggtaga cagtattctc tcaagatcag tagcctgcat 660

cctgacgatg ttgcaacgta ttactgtcaa aatgtgttaa gtactccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1496

<211> 503

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1496

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys

20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Ala Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly

100 105 110

Met Asp Phe Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Gln

130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Phe Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala Trp

165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Gly Ala

180 185 190

Thr Asn Leu Ala Asp Gly Met Ser Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Arg Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Ser Ser Leu His Pro Asp Asp Val

210 215 220

Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Asn Val Leu Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gly 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> 1497

<211> 1509

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1497

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttatgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactccgcca tctattactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg acttctgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcc agatgaccca gtctccagcc tccctatctg catctgtggg agaacctgtc 480

accttcacat gtcgagcaag tgagaatatt tacagttatt tagcatggta tcagcagaaa 540

cagggaaaat ctcctcagct cctgatctat ggtgcaacca acttggcaga tggcatgtca 600

tcgaggttca gtggcagtgg atctggtaga cagtattctc tcaagatcag tagcctgcat 660

cctgacgatg ttgcaacgta ttactgtcaa aatgtgttaa gtactccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1498

<211> 127

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1498

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Asn
20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Val Lys Tyr Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Gly Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly
115 120 125

<210> 1499

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1499

Asn Tyr Trp Ile Ser

1 5

<210> 1500

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1500

Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1501

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1501

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1502

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1502

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

atttcctgca aggctactgg gtacaccttc agtaattact ggataagttg ggtaaagtat 120

aggcctggac atggtcttga gtggattgga gatatttacc ctggaggcag ttatactaat 180

tacaatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240

tacatgcagc tcagcggcct gacatttgag gactctgcca tctactactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtga ctacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1503

<211> 107

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1503

Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Asn
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val
35 40 45

Tyr Ala Ala Thr Asn Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Arg Ser Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser
65 70 75 80

Glu Asp Phe Val Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1504

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1504

Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Asn Leu Ala
1 5 10

<210> 1505

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1505

Ala Ala Thr Asn Leu Ala Asp
1 5

<210> 1506

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1506

Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1507

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1507

gagctccaga tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtga gaatatttac agtaatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctatgct gcaacaaact tagcagatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtaggtc tgggtcagat tattctctca ccatcagcag ccttgagtct 240

gaagattttg tagactatta ctgtctacaa tatgctagtt atccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1508

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1508

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Val Lys Tyr Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Gly Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110
Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Gln
130 135 140
Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val
145 150 155 160
Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Asn Leu Ala Trp
165 170 175
Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Ala Ala

180 185 190
Thr Asn Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
195 200 205
Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe
210 215 220
Val Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly
225 230 235 240
Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1509
<211> 744
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1509
gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60
atttcctgca aggctactgg gtacaccttc agtaattact ggataagttg ggtaaagtat 120
aggcctggac atggtcttga gtggattgga gatatttacc ctggaggcag ttatactaat 180
tacaatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240
tacatgcagc tcagcggcct gacatttgag gactctgcca tctactactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtga ctacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420
tctgagctcc agatgaccca gtctccagcc tccctatctg catctgtggg agaaactgtc 480
accatcacat gtcgagcaag tgagaatatt tacagtaatt tagcatggta tcagcagaaa 540
cagggaaaat ctcctcagct cctggtctat gctgcaacaa acttagcaga tggtgtgcca 600
tcaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660
tctgaagatt ttgtagacta ttactgtcta caatatgcta gttatccgta cacgttcgga 720
gggggggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1510
<211> 503
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1510

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15
Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Asn
20 25 30
Tyr Trp Ile Ser Trp Val Lys Tyr Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60
Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala
65 70 75 80
Tyr Met Gln Leu Ser Gly Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110
Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Gln
130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val
145 150 155 160
Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Asn Leu Ala Trp
165 170 175
Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Ala Ala

180 185 190
Thr Asn Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
195 200 205
Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe
210 215 220
Val Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Tyr Thr Phe Gly
225 230 235 240
Gly 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> 1511

<211> 1509

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1511

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

atttcctgca aggctactgg gtacaccttc agtaattact ggataagttg ggtaaagtat 120

aggcctggac atggtcttga gtggattgga gatatttacc ctggaggcag ttatactaat 180

tacaatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240

tacatgcagc tcagcggcct gacatttgag gactctgcca tctactactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtga ctacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcc agatgaccca gtctccagcc tccctatctg catctgtggg agaaactgtc 480

accatcacat gtcgagcaag tgagaatatt tacagtaatt tagcatggta tcagcagaaa 540

cagggaaaat ctcctcagct cctggtctat gctgcaacaa acttagcaga tggtgtgcca 600

tcaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660

tctgaagatt ttgtagacta ttactgtcta caatatgcta gttatccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1512

<211> 119

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1512

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr His
20 25 30

Tyr Leu Ile Glu Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Met Ile Asn Pro Glu Asn Thr Asp Thr Thr Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Arg Asp Lys Ala Ile Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Val Tyr Phe
85 90 95

Cys Ala Arg Gln Glu Ile Thr Ser Asp Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1513

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1513

His Tyr Leu Ile Glu

1 5

<210> 1514

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1514

Met Ile Asn Pro Glu Asn Thr Asp Thr Thr Tyr Asn Glu Lys Phe Arg

1 5 10 15

Asp

<210> 1515

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1515

Gln Glu Ile Thr Ser Asp Phe Asp Phe

1 5

<210> 1516

<211> 357

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1516

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

gtgtcctgca aggcttctgg atacgccttc actcattact taatagagtg ggtgaagcag 120

aggcctggac agggccttga gtggattgga atgattaatc ctgaaaatac tgatactacc 180

tacaatgaga agttcaggga caaggcaata ctgactgtag acaaatcctc caacactgcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacttctgat gactctgcgg tctatttctg tgcaagacag 300

gagattacgt cggactttga cttctggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctca 357

<210> 1517

<211> 108

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1517

Glu Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Thr Thr Met Ala Ala Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Lys Ile Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Ile Ser Ser Asn
20 25 30

Tyr Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Phe Ser Pro Lys Leu Leu
35 40 45

Ile Tyr Arg Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Gly Thr Met Glu
65 70 75 80

Ala Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Gly Ser Ser Ile Pro
85 90 95

Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1518

<211> 12

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1518

Ser Ala Ser Ser Ser Ile Ser Ser Asn Tyr Leu His
1 5 10

<210> 1519

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1519

Arg Thr Ser Asn Leu Ala Ser

1 5

<210> 1520

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1520

Gln Gln Gly Ser Ser Ile Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1521

<211> 324

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1521

gagctcgtgc tcacccagtc tccaaccacc atggctgcat ctcccgggga gaagatcact 60

atcacctgca gtgccagctc aagtataagt tccaattact tgcattggta tcagcagaag 120

ccaggattct cccctaaact cttgatttat aggacatcca atctggcttc tggagtccca 180

gctcgcttca gtggcagtgg gtctgggacc tcttactctc tcacaattgg caccatggag 240

gctgaagatg ttgccactta ctactgccag cagggtagta gtataccgta cacgttcgga 300

gggggggacca agcttgagat caaa 324

<210> 1522

<211> 242

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1522

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr His

20 25 30

Tyr Leu Ile Glu Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Met Ile Asn Pro Glu Asn Thr Asp Thr Thr Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Arg Asp Lys Ala Ile Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Val Tyr Phe

85 90 95

Cys Ala Arg Gln Glu Ile Thr Ser Asp Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Thr Thr

130 135 140

Met Ala Ala Ser Pro Gly Glu Lys Ile Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser

145 150 155 160

Ser Ser Ile Ser Ser Asn Tyr Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

165 170 175

Phe Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly

180 185 190

Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu

195 200 205

Thr Ile Gly Thr Met Glu Ala Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

210 215 220

Gln Gly Ser Ser Ile Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu

225 230 235 240

Ile Lys

<210> 1523

<211> 726

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1523

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

gtgtcctgca aggcttctgg atacgccttc actcattact taatagagtg ggtgaagcag 120

aggcctggac agggccttga gtggattgga atgattaatc ctgaaaatac tgatactacc 180

tacaatgaga agttcaggga caaggcaata ctgactgtag acaaatcctc caacactgcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacttctgat gactctgcgg tctatttctg tgcaagacag 300

gagattacgt cggactttga cttctggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgagctcgt gctcacccag 420

tctccaacca ccatggctgc atctcccggg gagaagatca ctatcacctg cagtgccagc 480

tcaagtataa gttccaatta cttgcattgg tatcagcaga agccaggatt ctcccctaaa 540

ctcttgattt ataggacatc caatctggct tctggagtcc cagctcgctt cagtggcagt 600

gggtctggga cctcttactc tctcacaatt ggcaccatgg aggctgaaga tgttgccact 660

tactactgcc agcagggtag tagtataccg tacacgttcg gaggggggac caagcttgag 720

atcaaa 726

<210> 1524

<211> 497

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1524

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ala Phe Thr His
20 25 30

Tyr Leu Ile Glu Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Met Ile Asn Pro Glu Asn Thr Asp Thr Thr Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Arg Asp Lys Ala Ile Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Asn Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Val Tyr Phe
85 90 95

Cys Ala Arg Gln Glu Ile Thr Ser Asp Phe Asp Phe Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Thr Thr
130 135 140
Met Ala Ala Ser Pro Gly Glu Lys Ile Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser
145 150 155 160
Ser Ser Ile Ser Ser Asn Tyr Leu His Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly
165 170 175

Phe Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Arg Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly
180 185 190
Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu
195 200 205
Thr Ile Gly Thr Met Glu Ala Glu Asp Val Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
210 215 220
Gln Gly Ser Ser Ile Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu
225 230 235 240

Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
245 250 255
Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala
260 265 270
Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala
275 280 285
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn
290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile
305 310 315 320
Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu
325 330 335
Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe

340 345 350

Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu

355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val

385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala

405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln

420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr

435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr

450 455 460

Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu

465 470 475 480

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

485 490 495

Leu

<210> 1525

<211> 1491

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1525

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

gtgtcctgca aggcttctgg atacgccttc actcattact taatagagtg ggtgaagcag 120

aggcctggac agggccttga gtggattgga atgattaatc ctgaaaatac tgatactacc 180

tacaatgaga agttcaggga caaggcaata ctgactgtag acaaatcctc caacactgcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacttctgat gactctgcgg tctatttctg tgcaagacag 300

gagattacgt cggactttga cttctggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcaggt 360

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctgagctcgt gctcacccag 420
tctccaacca ccatggctgc atctcccggg gagaagatca ctatcacctg cagtgccagc 480
tcaagtataa gttccaatta cttgcattgg tatcagcaga agccaggatt ctcccctaaa 540
ctcttgattt ataggacatc caatctggct tctggagtcc cagctcgctt cagtggcagt 600
gggtctggga cctcttactc tctcacaatt ggcaccatgg aggctgaaga tgttgccact 660
tactactgcc agcagggtag tagtataccg tacacgttcg gaggggggac caagcttgag 720
atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg cagctggtcg agtctggagg aggattggtg 780

cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt gcagcctctg gattcacctt caataagtac 840
gccatgaact gggtccgcca ggctccagga aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga 900
agtaaatata ataattatgc aacatattat gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc 960
tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac 1020
actgccgtgt actactgtgt gagacatggg aacttcggta atagctacat atcctactgg 1080
gcttactggg gccaagggac tctggtcacc gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc 1140
ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta 1200

tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc 1260
aactacccaa actgggtcca acaaaaacca ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg 1320
actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc agattctcag gctccctgct tggaggcaag 1380
gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta 1440
tggtacagca accgctgggt gttcggtgga ggaaccaaac tgactgtcct a 1491

<210> 1526
<211> 126
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1526

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Thr Gly Tyr Thr Phe Gly Tyr
20 25 30
Tyr Trp Ile Ser Trp Leu Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr His Glu Lys
50 55 60
Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110
Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 1527
<211> 5
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1527
Tyr Tyr Trp Ile Ser
1 5

<210> 1528
<211
> 17
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1528
Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr His Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1529
<211> 16
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1529
Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 1530

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1530

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atttcctgca agactactgg gtacaccttc ggttattact ggataagttg gttaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtgg ttacactaac 180

taccatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacatttgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggatatgact acggtagtga ctacgattat catggtatgg attactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1531

<211> 107

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1531

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 Gly Ile Ser Asn Tyr
20 25 30

Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Ser 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 Asp 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> 1532

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1532

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 1533

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1533

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 1534

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1534

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro

1 5

<210> 1535

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1535

gagctcgtga tgacccagac tccatcctcc ctgtctgcct ctctgggaga cagagtcacc 60

atcagttgca gggcaagtca gggcattagc aattatttaa actggtatca gcagaaacca 120

gatggatctg ttaaactcct gatctactac acatcaagat tacactcagg agtcccatca 180

aggttcagtg gcagtgggtc tggaacagat tattctctca ccattagcaa cctggatcaa 240

gaagatattg ccacttactt ttgccaacag ggtaatacgc ttccgtggac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1536

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1536

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Thr Gly Tyr Thr Phe Gly Tyr
20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Leu Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr His Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val
145 150 155 160

Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp
165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Ser Val Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr
180 185 190

Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Asp Gln Glu Asp Ile
210 215 220

Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly
225 230 235 240

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1537

<211> 744

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1537

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atttcctgca agactactgg gtacaccttc ggttattact ggataagttg gttaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtgg ttacactaac 180

taccatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacatttgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggatatgact acggtagtga ctacgattat catggtatgg attactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgaccca gactccatcc tccctgtctg cctctctggg agacagagtc 480

accatcagtt gcagggcaag tcagggcatt agcaattatt taaactggta tcagcagaaa 540

ccagatggat ctgttaaact cctgatctac tacacatcaa gattacactc aggagtccca 600

tcaaggttca gtggcagtgg gtctggaaca gattattctc tcaccattag caacctggat 660

caagaagata ttgccactta cttttgccaa cagggtaata cgcttccgtg gacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1538

<211> 503

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1538

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Thr Gly Tyr Thr Phe Gly Tyr
20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Leu Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr His Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly

100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val

130 135 140

Met Thr Gln Thr Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val

145 150 155 160

Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Asn Tyr Leu Asn Trp

165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Pro Asp Gly Ser Val Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr

180 185 190

Ser Arg Leu His Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Asp Gln Glu Asp Ile

210 215 220

Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gly 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> 1539

<211> 1509

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1539

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atttcctgca agactactgg gtacaccttc ggttattact ggataagttg gttaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtgg ttacactaac 180

taccatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacatttgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggatatgact acggtagtga ctacgattat catggtatgg attactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgaccca gactccatcc tccctgtctg cctctctggg agacagagtc 480

accatcagtt gcagggcaag tcagggcatt agcaattatt taaactggta tcagcagaaa 540

ccagatggat ctgttaaact cctgatctac tacacatcaa gattacactc aggagtccca 600

tcaaggttca gtggcagtgg gtctggaaca gattattctc tcaccattag caacctggat 660

caagaagata ttgccactta cttttgccaa cagggtaata cgcttccgtg gacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1540

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1540

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 1541

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1541

Lys Tyr Trp Ile Gly
1 5

<210> 1542

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1542

Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1543

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1543

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1544

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1544

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1545

<211> 107

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1545

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Glu Arg Val Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr

20 25 30

Leu Ser Trp Leu Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile

35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Arg Ser Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Pro

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1546

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1546

Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr Leu Ser

1 5 10

<210> 1547

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1547

Ala Ala Ser Thr Leu Asp Ser

1 5

<210> 1548

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1548

Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Pro Thr

1 5

<210> 1549

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1549

gagctcgtga tgacacagtc tccatcctcc ttatctgcct ctctgggaga aagagtcagt 60

ctcacttgtc gggcaagtca ggaaattagt ggttacttaa gctggcttca gcagaaacca 120
gatggaacta ttaaacgcct gatctacgcc gcatccactt tagattctgg tgtcccaaaa 180
aggttcagtg gcagtaggtc tgggtcagat tattctctca ccatcagcag ccttgagtct 240
gaagattttg cagactatta ctgtctacaa tatgctagtt atcctcccac gttcggaggg 300
gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1550
<211> 248
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1550

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30
Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60
Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110
Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val
145 150 155 160

Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr Leu Ser Trp
165 170 175

Leu Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala
180 185 190

Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
195 200 205

Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe
210 215 220

Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Pro Thr Phe Gly
225 230 235 240

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1551

<211> 744

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1551

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgacaca gtctccatcc tccttatctg cctctctggg agaaagagtc 480

agtctcactt gtcgggcaag tcaggaaatt agtggttact taagctggct tcagcagaaa 540

ccagatggaa ctattaaacg cctgatctac gccgcatcca ctttagattc tggtgtccca 600

aaaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660

tctgaagatt ttgcagacta ttactgtcta caatatgcta gttatcctcc cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1552

<211> 503

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1552

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val
145 150 155 160

Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr Leu Ser Trp
165 170 175

Leu Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala
180 185 190

Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
195 200 205

Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe
210 215 220

Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Tyr Pro Pro Thr Phe Gly
225 230 235 240
Gly 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> 1553

<211> 1509

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1553

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgacaca gtctccatcc tccttatctg cctctctggg agaaagagtc 480

agtctcactt gtcgggcaag tcaggaaatt agtggttact taagctggct tcagcagaaa 540

ccagatggaa ctattaaacg cctgatctac gccgcatcca ctttagattc tggtgtccca 600

aaaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660

tctgaagatt ttgcagacta ttactgtcta caatatgcta gttatcctcc cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1554

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1554

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Pro Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Tyr
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Ser Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 1555

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1555

Tyr Tyr Trp Ile Gly
1 5

<210> 1556

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1556

Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Ser Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1557

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1557

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly Leu Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1558

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1558

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaactggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

attccctgca aggctactgg atacaccttc agttattact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtgg ttatagtaac 180

tacaatgaga aattcaaggg aaaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcggcct gacatctgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggatatgact acggtagtga ctacgattac catggtctgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1559

<211> 111

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1559

Glu Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr
20 25 30

Gly Thr Ser Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45
Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala
50 55 60
Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Asn Ile His
65 70 75 80
Pro Val Glu Glu Asp Asp Ile Ala Met Tyr Phe Cys Gln Gln Ser Arg
85 90 95

Lys Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 1560
<211> 15
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1560
Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Gly Thr Ser Leu Met Gln
1 5 10 15

<210> 1561
<211> 7
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1561
Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser
1 5

<210> 1562
<211> 9
<212> PRT
<213> Mus sp.

<400> 1562

Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro Tyr Thr
1 5

<210> 1563
<211> 333
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1563

gagctcgtgc tcacccagtc tccagcttct ttggctgtgt ctctagggca gagagccacc 60
atctcctgca gagccagtga aagtgttgaa tattatggca caagtttaat gcagtggtac 120
caacagaaac caggacagcc acccaaactc ctcatctatg ctgcatccaa cgtagaatct 180
ggggtccctg ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcagcct caacatccat 240
cctgtggagg aggatgatat tgcaatgtat ttctgtcagc aaagtaggaa ggttccgtac 300

acgttcggag gggggaccaa gcttgagatc aaa 333

<210> 1564
<211> 252
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1564

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15
Thr Ser Val Lys Ile Pro Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Tyr
20 25 30
Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Ser Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60
Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80
Tyr Met Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly

100 105 110

Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140
Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly Gln Arg Ala
145 150 155 160
Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Gly Thr Ser
165 170 175

Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu
180 185 190
Ile Tyr Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser
195 200 205
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Asn Ile His Pro Val Glu
210 215 220
Glu Asp Asp Ile Ala Met Tyr Phe Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro
225 230 235 240

Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245 250

<210> 1565
<211> 756
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1565
gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaactggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60
attccctgca aggctactgg atacaccttc agttattact ggataggttg ggtaaagcag 120
aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtgg ttatagtaac 180
tacaatgaga aattcaaggg aaaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240
tacatgcagc tcagcggcct gacatctgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggatatgact acggtagtga ctacgattac catggtctgg actactgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgctcaccca gtctccagct tctttggctg tgtctctagg gcagagagcc 480

accatctcct gcagagccag tgaaagtgtt gaatattatg gcacaagttt aatgcagtgg 540

taccaacaga aaccaggaca gccacccaaa ctcctcatct atgctgcatc caacgtagaa 600

tctggggtcc ctgccaggtt tagtggcagt gggtctggga cagacttcag cctcaacatc 660

catcctgtgg aggaggatga tattgcaatg tatttctgtc agcaaagtag gaaggttccg 720

tacacgttcg gaggggggac caagcttgag atcaaa 756

<210> 1566

<211> 507

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1566

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Pro Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Tyr
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Ser Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Gly Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly Gln Arg Ala
145 150 155 160

Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Glu Ser Val Glu Tyr Tyr Gly Thr Ser

165 170 175

Leu Met Gln Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu
180 185 190
Ile Tyr Ala Ala Ser Asn Val Glu Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser
195 200 205
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Leu Asn Ile His Pro Val Glu
210 215 220
Glu Asp Asp Ile Ala Met Tyr Phe Cys Gln Gln Ser Arg Lys Val Pro
225 230 235 240

Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly
245 250 255
Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro
260 265 270
Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn
275 280 285
Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
290 295 300

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr
305 310 315 320
Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
325 330 335
Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala
340 345 350
Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser
355 360 365

Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr
385 390 395 400
Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val
405 410 415

Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr
420 425 430

Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile
435 440 445
Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly
450 455 460
Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro
465 470 475 480
Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp
485 490 495

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 1567
<211> 1521
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1567

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaactggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60
attccctgca aggctactgg atacaccttc agttattact ggataggttg ggtaaagcag 120
aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtgg ttatagtaac 180
tacaatgaga aattcaaggg aaaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240
tacatgcagc tcagcggcct gacatctgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggatatgact acggtagtga ctacgattac catggtctgg actactgggg ccaagggacc 360
acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420
tctgagctcg tgctcaccca gtctccagct tctttggctg tgtctctagg gcagagagcc 480
accatctcct gcagagccag tgaaagtgtt gaatattatg gcacaagttt aatgcagtgg 540
taccaacaga aaccaggaca gccacccaaa ctcctcatct atgctgcatc caacgtagaa 600
tctggggtcc ctgccaggtt tagtggcagt gggtctggga cagacttcag cctcaacatc 660
catcctgtgg aggaggatga tattgcaatg tatttctgtc agcaaagtag gaaggttccg 720

tacacgttcg gaggggggac caagcttgag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780
cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1568

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1568

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys

20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly

100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 1569

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1569

Lys Tyr Trp Ile Gly

1 5

<210> 1570

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1570

Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1571

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1571

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1572

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1572

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1573

<211> 111

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1573

Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Thr Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Gln Arg Ala Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Thr Val Tyr Tyr Asp
20 25 30

Gly Asn Asn Tyr Met Asn Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Gln Pro Pro
35 40 45

Lys Leu Leu Ile Tyr Ala Thr Ser Asn Leu Glu Ser Gly Ile Pro Ala
50 55 60

Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His
65 70 75 80

Pro Val Glu Ala Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr
85 90 95

Glu Asp Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105 110

<210> 1574

<211> 15

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1574

Arg Ala Ser Gln Thr Val Tyr Tyr Asp Gly Asn Asn Tyr Met Asn
1 5 10 15

<210> 1575

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1575

Ala Thr Ser Asn Leu Glu Ser

1 5

<210> 1576

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1576

Gln Gln Ser Tyr Glu Asp Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1577

<211> 333

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1577

gagctccaga tgacccagtc tccaacttct ttggctgtgt ctctcgggca gagggccacc 60

atctcctgca gggccagcca aactgtttac tatgatggta ataattatat gaactggtat 120

caacacaaac caggacagcc acccaaactc ctcatctatg ctacatccaa tctagaatct 180

gggatcccag ccaggtttag tggcagtggg tctgggacag acttcaccct caacatccat 240

cctgtggagg cggaggatgc tgcaacctat tactgtcagc aaagttatga ggatccgtac 300

acgttcggag gggggaccaa gcttgagatc aaa 333

<210> 1578

<211> 252

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1578

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys

20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Gln
130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Thr Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly Gln Arg Ala
145 150 155 160

Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Thr Val Tyr Tyr Asp Gly Asn Asn
165 170 175

Tyr Met Asn Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Ala Thr Ser Asn Leu Glu Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His Pro Val Glu
210 215 220

Ala Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Glu Asp Pro
225 230 235 240

Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245 250

<210> 1579

<211> 756

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1579

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcc agatgaccca gtctccaact tctttggctg tgtctctcgg gcagagggcc 480

accatctcct gcagggccag ccaaactgtt tactatgatg gtaataatta tatgaactgg 540

tatcaacaca aaccaggaca gccacccaaa ctcctcatct atgctacatc caatctagaa 600

tctgggatcc cagccaggtt tagtggcagt gggtctggga cagacttcac cctcaacatc 660

catcctgtgg aggcggagga tgctgcaacc tattactgtc agcaaagtta tgaggatccg 720

tacacgttcg gaggggggac caagcttgag atcaaa 756

<210> 1580

<211> 507

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1580

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly

100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Gln

130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Thr Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly Gln Arg Ala

145 150 155 160

Thr Ile Ser Cys Arg Ala Ser Gln Thr Val Tyr Tyr Asp Gly Asn Asn

165 170 175

Tyr Met Asn Trp Tyr Gln His Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Ala Thr Ser Asn Leu Glu Ser Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile His Pro Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Ser Tyr Glu Asp Pro

225 230 235 240

Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly

245 250 255

Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro

260 265 270

Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn

275 280 285

Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu

290 295 300

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr

305 310 315 320

Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys

325 330 335

Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

340 345 350

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser
355 360 365
Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly

370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr
385 390 395 400
Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val
405 410 415
Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr
420 425 430
Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile

435 440 445
Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly
450 455 460
Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro
465 470 475 480
Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp
485 490 495
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 1581
<211> 1521
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1581
gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60
atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120
aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180
tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240
tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300
ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcc agatgaccca gtctccaact tctttggctg tgtctctcgg gcagagggcc 480

accatctcct gcagggccag ccaaactgtt tactatgatg gtaataatta tatgaactgg 540

tatcaacaca aaccaggaca gccacccaaa ctcctcatct atgctacatc caatctagaa 600

tctgggatcc cagccaggtt tagtggcagt gggtctggga cagacttcac cctcaacatc 660

catcctgtgg aggcggagga tgctgcaacc tattactgtc agcaaagtta tgaggatccg 720

tacacgttcg gaggggggac caagcttgag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1582

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1582

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Thr Thr
20 25 30

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Glu Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80
Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr Tyr Gly
100 105 110
Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 1583
<211> 5
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1583
Thr Tyr Trp Leu Gly
1 5
<210> 1584
<211> 17
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1584
Glu Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1585
<211> 16
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1585
Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr Tyr Gly Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 1586

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1586

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaactggtaa ggcctgggac ctcagtgaag 60

atttcctgca aggctactgg atacaccttc actacttact ggctaggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gagattcacc ctggaggtgg ttatactaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactccgcca tctattactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtag ttacgattac tatggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1587

<211> 107

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1587

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Gly Ser Ser
20 25 30

Leu Asn Trp Leu Gln Gln Glu Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Thr Ser Ser Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Arg Ser Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser
65 70 75 80

Glu Asp Phe Val Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1588

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1588

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Gly Ser Ser Leu Asn

1 5 10

<210> 1589

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1589

Ala Thr Ser Ser Leu Asp Ser

1 5

<210> 1590

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1590

Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1591

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1591

gagctcgtca tgacccagtc tccatcctcc ttatctgcct ctctgggaga aagagtcagt 60

ctcacttgtc gggcaagtca ggacattggt agtagcttaa actggcttca gcaggaacca 120

gatggaacta ttaaacgcct gatctacgcc acatccagtt tagattctgg tgtccccaaa 180

aggttcagtg gcagtaggtc tgggtcagat tattctctca ccatcagcag ccttgagtct 240

gaagattttg tagactatta ctgtctacaa tatgctagtt ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1592

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1592

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Thr Thr
20 25 30

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Glu Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr Tyr Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val
145 150 155 160

Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Gly Ser Ser Leu Asn Trp
165 170 175

Leu Gln Gln Glu Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Thr
180 185 190

Ser Ser Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
195 200 205

Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe
210 215 220

Val Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1593

<211> 744

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1593

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaactggtaa ggcctgggac ctcagtgaag 60

atttcctgca aggctactgg atacaccttc actacttact ggctaggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gagattcacc ctggaggtgg ttatactaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactccgcca tctattactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtag ttacgattac tatggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tcatgaccca gtctccatcc tccttatctg cctctctggg agaaagagtc 480

agtctcactt gtcgggcaag tcaggacatt ggtagtagct taaactggct tcagcaggaa 540

ccagatggaa ctattaaacg cctgatctac gccacatcca gtttagattc tggtgtcccc 600

aaaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660

tctgaagatt ttgtagacta ttactgtcta caatatgcta gttctccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1594

<211> 503

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1594

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Thr Thr

20 25 30

Tyr Trp Leu Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile His Pro Gly Gly Gly Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr Tyr Gly

100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val

130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val

145 150 155 160

Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Gly Ser Ser Leu Asn Trp

165 170 175

Leu Gln Gln Glu Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Thr

180 185 190

Ser Ser Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser

195 200 205

Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe

210 215 220

Val Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gly 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> 1595
<211> 1509
<212> DNA
<213> Mus sp.

<400> 1595

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaactggtaa ggcctgggac ctcagtgaag 60

atttcctgca aggctactgg atacaccttc actacttact ggctaggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gagattcacc ctggaggtgg ttatactaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactccgcca tctattactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggtagtag ttacgattac tatggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tcatgaccca gtctccatcc tccttatctg cctctctggg agaaagagtc 480

agtctcactt gtcgggcaag tcaggacatt ggtagtagct taaactggct tcagcaggaa 540

ccagatggaa ctattaaacg cctgatctac gccacatcca gtttagattc tggtgtcccc 600

aaaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660

tctgaagatt ttgtagacta ttactgtcta caatatgcta gttctccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1596

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1596

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 1597

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1597

Lys Tyr Trp Ile Gly
1 5

<210> 1598

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1598

Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1599

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1599

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1600

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1600

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1601

<211> 113

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1601

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln

85 90 95

His Tyr Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1602

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1602

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1603

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1603

Gly Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1604

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1604

Gln Gln His Tyr Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1605

<211> 339

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1605

gagctcgtga tgacacagtc tccatcctcc ctgactgtga cagcaggaga gaaggtcact 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagcctcct aaactgttga tctacggggc atccactagg 180

gaatctggag tccctgatcg cttcacaggc agtggatctg ggacagattt cactcttacc 240

atcagcagtg tgcaggctga agacctggca gattacttct gtcagcaaca ttatagcact 300

ccgtacacgt tcggaggggg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1606

<211> 254

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1606

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val

130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly Glu Lys Val

145 150 155 160

Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln

165 170 175

Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys

180 185 190

Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg

195 200 205

Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser

210 215 220

Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln His Tyr Ser

225 230 235 240

Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245 250

<210> 1607

<211> 762

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1607

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgacaca gtctccatcc tccctgactg tgacagcagg agagaaggtc 480

actatgagct gcaagtccag tcagagtctg ttaaacagtg gaaatcaaaa gaactacttg 540

gcctggtacc agcagaaacc agggcagcct cctaaactgt tgatctacgg ggcatccact 600

agggaatctg gagtccctga tcgcttcaca ggcagtggat ctgggacaga tttcactctt 660

accatcagca gtgtgcaggc tgaagacctg gcagattact tctgtcagca acattatagc 720

actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag cttgagatca aa 762

<210> 1608

<211> 509

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1608

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Val Val Arg Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Thr Lys
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile His Pro Gly Gly Gly Phe Ala Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Arg Leu Thr Ser Asp Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Ser Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Thr Val Thr Ala Gly Glu Lys Val
145 150 155 160

Thr Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln
165 170 175

Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys
180 185 190

Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg
195 200 205

Phe Thr Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser
210 215 220

Val Gln Ala Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln His Tyr Ser
225 230 235 240

Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly
245 250 255

Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val
260 265 270

Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr
275 280 285

Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly
290 295 300

Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr
305 310 315 320

Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp
325 330 335

Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp
340 345 350

Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr
355 360 365

Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser
370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
385 390 395 400

Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
405 410 415

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly
420 425 430

Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly

435 440 445

Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe

450 455 460

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val

465 470 475 480

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn

485 490 495

Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 1609

<211> 1527

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1609

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gaggtggtta ggcctgggac ttcagtgaag 60

atgtcctgca aggctgctgg atacaccttc actaagtact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatattcacc ctggaggtgg ttttgctaac 180

tacaatgaga agttcaaggg caaggccaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tacatgcagc tcagcagact gacatctgat gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

ggttatgact acggtagtag ttacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgacaca gtctccatcc tccctgactg tgacagcagg agagaaggtc 480

actatgagct gcaagtccag tcagagtctg ttaaacagtg gaaatcaaaa gaactacttg 540

gcctggtacc agcagaaacc agggcagcct cctaaactgt tgatctacgg ggcatccact 600

agggaatctg gagtccctga tcgcttcaca ggcagtggat ctgggacaga tttcactctt 660

accatcagca gtgtgcaggc tgaagacctg gcagattact tctgtcagca acattatagc 720

actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag cttgagatca aatccggagg tggtggatcc 780

gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc 840

tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct 900

ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc ataagaagta aatataataa ttatgcaaca 960

tattatgccg attcagtgaa agacaggttc accatctcca gagatgattc aaaaaacact 1020

gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga 1080

catgggaact tcggtaatag ctacatatcc tactgggctt actggggcca agggactctg 1140

gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct 1200
cagactgttg tgactcagga accttcactc accgtatcac ctggtggaac agtcacactc 1260
acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa 1320
aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact 1380
cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta 1440
cagccagagg atgaggcaga atattactgt gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc 1500
ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1527

<210> 1610
<211> 126
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1610

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Leu Val Arg Pro Gly
1 5 10 15
Thr Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Ser Arg
20 25 30
Tyr Trp Ile Ser Trp Ile Arg Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Ile Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn

50 55 60
Phe Lys Asp Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80
Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly
100 105 110
Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120 125
<210> 1611
<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1611

Arg Tyr Trp Ile Ser

1 5

<210> 1612

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1612

Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1613

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1613

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly Leu Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1614

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1614

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gacctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

ctgtcctgca aggctgctgg atacaccttc agtaggtatt ggataagttg gataaggcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gaaatttacc ctggaggtgg ttatggtaac 180

tacaatgaga atttcaagga caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tatatgcagc tcagcagcct gacatctgag gactctgcca tctattattg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggcagtaa gtacgattat tatggtttgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1615

<211> 107

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1615

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Tyr Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Ile Asn Ser Tyr
20 25 30

Leu Ser Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Lys Thr Leu Ile
35 40 45

Tyr Arg Ala Asn Arg Leu Val Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Gln Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Tyr
65 70 75 80

Glu Asp Met Gly Ile Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Asp Ala Phe Pro Pro
85 90 95

Thr Phe Gly Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1616

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1616

Lys Ala Ser Gln Asp Ile Asn Ser Tyr Leu Ser
1 5 10

<210> 1617

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1617

Arg Ala Asn Arg Leu Val Asp
1 5

<210> 1618

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1618

Leu Gln Tyr Asp Ala Phe Pro Pro Thr

1 5

<210> 1619

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1619

gagctcgtga tgacacagtc tccatcttcc atgtatgcat ctctaggaga gagagtcact 60

atcacttgca aggcgagtca ggacattaat agctatttaa gctggttcca gcagaaacca 120

gggaaatctc ctaagaccct gatctatcgt gcaaacagat tggtagatgg ggtcccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc tgggcaagat tattctctca ccatcagcag cctggagtat 240

gaagatatgg gaatttatta ttgtctacag tatgatgcgt ttcctcccac gttcggtgct 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1620

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1620

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Ser Arg

20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Ile Arg Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn

50 55 60

Phe Lys Asp Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly
100 105 110
Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Tyr Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val
145 150 155 160
Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Ile Asn Ser Tyr Leu Ser Trp
165 170 175
Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Lys Thr Leu Ile Tyr Arg Ala
180 185 190
Asn Arg Leu Val Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Gln Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Tyr Glu Asp Met
210 215 220
Gly Ile Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Asp Ala Phe Pro Pro Thr Phe Gly
225 230 235 240
Ala Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1621
<211> 744
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1621
gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gacctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60
ctgtcctgca aggctgctgg atacaccttc agtaggtatt ggataagttg gataaggcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gaaatttacc ctggaggtgg ttatggtaac 180

tacaatgaga atttcaagga caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tatatgcagc tcagcagcct gacatctgag gactctgcca tctattattg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggcagtaa gtacgattat tatggtttgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgacaca gtctccatct tccatgtatg catctctagg agagagagtc 480

actatcactt gcaaggcgag tcaggacatt aatagctatt taagctggtt ccagcagaaa 540

ccagggaaat ctcctaagac cctgatctat cgtgcaaaca gattggtaga tggggtccca 600

tcaaggttca gtggcagtgg atctgggcaa gattattctc tcaccatcag cagcctggag 660

tatgaagata tgggaattta ttattgtcta cagtatgatg cgtttcctcc cacgttcggt 720

gctgggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1622

<211> 503

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1622

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Ser Arg

20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Ile Arg Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn

50 55 60

Phe Lys Asp Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly

100 105 110

Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val

130 135 140

Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Tyr Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val

145 150 155 160

Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asp Ile Asn Ser Tyr Leu Ser Trp

165 170 175

Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Lys Thr Leu Ile Tyr Arg Ala

180 185 190

Asn Arg Leu Val Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Gln Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Tyr Glu Asp Met

210 215 220

Gly Ile Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Asp Ala Phe Pro Pro Thr Phe Gly

225 230 235 240

Ala 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> 1623

<211> 1509

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1623

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gacctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

ctgtcctgca aggctgctgg atacaccttc agtaggtatt ggataagttg gataaggcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gaaatttacc ctggaggtgg ttatggtaac 180

tacaatgaga atttcaagga caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tatatgcagc tcagcagcct gacatctgag gactctgcca tctattattg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggcagtaa gtacgattat tatggtttgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgatgacaca gtctccatct tccatgtatg catctctagg agagagagtc 480

actatcactt gcaaggcgag tcaggacatt aatagctatt taagctggtt ccagcagaaa 540

ccagggaaat ctcctaagac cctgatctat cgtgcaaaca gattggtaga tggggtccca 600

tcaaggttca gtggcagtgg atctgggcaa gattattctc tcaccatcag cagcctggag 660

tatgaagata tgggaattta ttattgtcta cagtatgatg cgtttcctcc cacgttcggt 720

gctgggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1624

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1624

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Ser Arg

20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Ile Arg Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn

50 55 60

Phe Lys Asp Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly

100 105 110

Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 1625

<211> 5

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1625

Arg Tyr Trp Ile Ser

1 5

<210> 1626

<211> 17

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1626

Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1627

<211> 16

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1627

Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly Leu Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1628

<211> 378

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1628

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gacctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

ctgtcctgca aggctgctgg atacaccttc agtaggtatt ggataagttg gataaggcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gaaatttacc ctggaggtgg ttatggtaac 180

tacaatgaga atttcaagga caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tatatgcagc tcagcagcct gacatctgag gactctgcca tctattattg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggcagtaa gtacgattat tatggtttgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378

<210> 1629

<211> 107

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1629

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15

Glu Arg Val Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr
20 25 30

Leu Ser Trp Leu Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Arg Ser Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1630

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1630

Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr Leu Ser

1 5 10

<210> 1631

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1631

Ala Ala Ser Thr Leu Asp Ser

1 5

<210> 1632

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1632

Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1633

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1633

gagctcgtca tgacccagtc tccatcctcc ttatctgcct ctctgggaga aagagtcagt 60

ctcacttgtc gggcaagtca ggaaattagt ggttacttaa gctggcttca gcagaaacca 120

gatggaacta ttaaacgcct gatctacgcc gcatccactt tagattctgg tgtcccaaaa 180

aggttcagtg gcagtaggtc tgggtcagat tattctctca ccatcagcag ccttgagtct 240

gaagattttg cagactatta ctgtctacaa tatgctagtt ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1634

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1634

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Ser Arg
20 25 30
Tyr Trp Ile Ser Trp Ile Arg Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Ile Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn

50 55 60
Phe Lys Asp Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala
65 70 75 80
Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly
100 105 110
Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140
Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val
145 150 155 160
Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr Leu Ser Trp
165 170 175
Leu Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala

180 185 190
Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
195 200 205
Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe
210 215 220
Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr Thr Phe Gly
225 230 235 240
Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 1635

<211> 744

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1635

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gacctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

ctgtcctgca aggctgctgg atacaccttc agtaggtatt ggataagttg gataaggcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gaaatttacc ctggaggtgg ttatggtaac 180

tacaatgaga atttcaagga caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tatatgcagc tcagcagcct gacatctgag gactctgcca tctattattg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggcagtaa gtacgattat tatggtttgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tcatgaccca gtctccatcc tccttatctg cctctctggg agaaagagtc 480

agtctcactt gtcgggcaag tcaggaaatt agtggttact taagctggct tcagcagaaa 540

ccagatggaa ctattaaacg cctgatctac gccgcatcca ctttagattc tggtgtccca 600

aaaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660

tctgaagatt ttgcagacta ttactgtcta caatatgcta gttctccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1636

<211> 503

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1636

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Leu Val Arg Pro Gly

1 5 10 15

Thr Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ala Gly Tyr Thr Phe Ser Arg

20 25 30

Tyr Trp Ile Ser Trp Ile Arg Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Glu Ile Tyr Pro Gly Gly Gly Tyr Gly Asn Tyr Asn Glu Asn

50 55 60

Phe Lys Asp Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Ser Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Gly Ser Lys Tyr Asp Tyr Tyr Gly
100 105 110
Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140
Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Glu Arg Val
145 150 155 160
Ser Leu Thr Cys Arg Ala Ser Gln Glu Ile Ser Gly Tyr Leu Ser Trp
165 170 175
Leu Gln Gln Lys Pro Asp Gly Thr Ile Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala

180 185 190
Ser Thr Leu Asp Ser Gly Val Pro Lys Arg Phe Ser Gly Ser Arg Ser
195 200 205
Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Ser Glu Asp Phe
210 215 220
Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Tyr Ala Ser Ser Pro Tyr Thr Phe Gly
225 230 235 240
Gly 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> 1637

<211> 1509

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1637

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gacctggtaa ggcctgggac ttcagtgaag 60

ctgtcctgca aggctgctgg atacaccttc agtaggtatt ggataagttg gataaggcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gaaatttacc ctggaggtgg ttatggtaac 180

tacaatgaga atttcaagga caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc cagcacagcc 240

tatatgcagc tcagcagcct gacatctgag gactctgcca tctattattg tgcaagatcg 300

gggtatgact acggcagtaa gtacgattat tatggtttgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tcatgaccca gtctccatcc tccttatctg cctctctggg agaaagagtc 480

agtctcactt gtcgggcaag tcaggaaatt agtggttact taagctggct tcagcagaaa 540

ccagatggaa ctattaaacg cctgatctac gccgcatcca ctttagattc tggtgtccca 600

aaaaggttca gtggcagtag gtctgggtca gattattctc tcaccatcag cagccttgag 660

tctgaagatt ttgcagacta ttactgtcta caatatgcta gttctccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1638

<211> 126

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1638

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Met Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45
Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala
65 70 75 80
Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95
Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Ala Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110
Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 1639
<211> 5
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1639
Asn Tyr Trp Ile Gly
1 5
<210> 1640
<211> 17
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1640
Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1641
<211> 16
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1641

Ser Gly Tyr Asp Tyr Ala Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 1642
<211> 378
<212> DNA
<213> Mus sp.
<400> 1642
gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctgatga agcctggggc ctcagtgaag 60
atatcctgca aggctactgg atacaccttc agtaattact ggataggttg ggtaaagcag 120
aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtag ttatactaac 180
tacaatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240
tacatgcagc tcagcagcct gacatttgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300
gggtatgact acgctagtga ctacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctca 378
<210> 1643
<211> 107
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 1643
Glu Leu Val Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Ser Ala Ser Leu Gly
1 5 10 15
Asp Arg Ile Thr Ile Thr Cys Gln Ala Thr Gln Asp Ile Val Lys Asn
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Ser Phe Leu Ile
35 40 45

Tyr Tyr Ala Thr Glu Leu Ala Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Phe Tyr Glu Phe Pro Tyr
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1644

<211> 11

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1644

Gln Ala Thr Gln Asp Ile Val Lys Asn Leu Asn

1 5 10

<210> 1645

<211> 7

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1645

Tyr Ala Thr Glu Leu Ala Glu

1 5

<210> 1646

<211> 9

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1646

Leu Gln Phe Tyr Glu Phe Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1647

<211> 321

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1647

gagctcgtgc tcacccagtc tccatcctct atgtctgcat ctctgggaga cagaataacc 60

atcacttgcc aggcaactca agacattgtt aagaatttaa actggtatca gcagaaacca 120

gggaaacccc cttcattcct gatctattat gcaactgaac tggcagaagg ggtcccatca 180

aggttcagtg gcagtgggtc tgggtcagac tattctctga caatcagcaa cctggagtct 240

gaagattttg cagactatta ctgtctacag ttttatgagt ttccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1648

<211> 248

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1648

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Met Lys Pro Gly
1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Asn
20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp
35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys
50 55 60

Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala
65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr
85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Ala Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly
100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val
130 135 140

Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Ile
145 150 155 160

Thr Ile Thr Cys Gln Ala Thr Gln Asp Ile Val Lys Asn Leu Asn Trp
165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Ser Phe Leu Ile Tyr Tyr Ala
180 185 190

Thr Glu Leu Ala Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser
195 200 205

Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Glu Asp Phe

210 215 220

Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Phe Tyr Glu Phe Pro Tyr Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1649

<211> 744

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1649

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctgatga agcctggggc ctcagtgaag 60

atatcctgca aggctactgg atacaccttc agtaattact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtag ttatactaac 180

tacaatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacatttgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acgctagtga ctacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgctcaccca gtctccatcc tctatgtctg catctctggg agacagaata 480

accatcactt gccaggcaac tcaagacatt gttaagaatt taaactggta tcagcagaaa 540

ccagggaaac ccccttcatt cctgatctat tatgcaactg aactggcaga aggggtccca 600

tcaaggttca gtggcagtgg gtctgggtca gactattctc tgacaatcag caacctggag 660

tctgaagatt ttgcagacta ttactgtcta cagttttatg agtttccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaa 744

<210> 1650

<211> 503

<212> PRT

<213> Mus sp.

<400> 1650

Glu Val Gln Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Glu Leu Met Lys Pro Gly

1 5 10 15

Ala Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Phe Ser Asn

20 25 30

Tyr Trp Ile Gly Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly His Gly Leu Glu Trp

35 40 45

Ile Gly Asp Ile Tyr Pro Gly Gly Ser Tyr Thr Asn Tyr Asn Glu Lys

50 55 60

Phe Lys Gly Lys Val Thr Leu Thr Ala Asp Thr Ser Ser Arg Thr Ala

65 70 75 80

Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Phe Glu Asp Ser Ala Ile Tyr Tyr

85 90 95

Cys Ala Arg Ser Gly Tyr Asp Tyr Ala Ser Asp Tyr Asp Tyr His Gly

100 105 110

Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Leu Val

130 135 140

Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Met Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Ile

145 150 155 160

Thr Ile Thr Cys Gln Ala Thr Gln Asp Ile Val Lys Asn Leu Asn Trp

165 170 175

Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Pro Pro Ser Phe Leu Ile Tyr Tyr Ala

180 185 190

Thr Glu Leu Ala Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser

195 200 205

Gly Ser Asp Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Ser Glu Asp Phe

210 215 220

Ala Asp Tyr Tyr Cys Leu Gln Phe Tyr Glu Phe Pro Tyr Thr Phe Gly

225 230 235 240

Gly 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> 1651

<211> 1509

<212> DNA

<213> Mus sp.

<400> 1651

gaggtgcagc tgctcgagca gtctggagct gagctgatga agcctggggc ctcagtgaag 60

atatcctgca aggctactgg atacaccttc agtaattact ggataggttg ggtaaagcag 120

aggcctggac atggccttga gtggattgga gatatttacc ctggaggtag ttatactaac 180

tacaatgaga aattcaaggg caaggtcaca ctgactgcag acacatcctc caggacagcc 240

tacatgcagc tcagcagcct gacatttgag gactctgcca tctattactg tgcaagatcg 300

gggtatgact acgctagtga ctacgattac catggtatgg actactgggg ccaagggacc 360

acggtcaccg tctcctcagg tggtggtggt tctggcggcg gcggctccgg tggtggtggt 420

tctgagctcg tgctcaccca gtctccatcc tctatgtctg catctctggg agacagaata 480

accatcactt gccaggcaac tcaagacatt gttaagaatt taaactggta tcagcagaaa 540

ccagggaaac ccccttcatt cctgatctat tatgcaactg aactggcaga aggggtccca 600

tcaaggttca gtggcagtgg gtctgggtca gactattctc tgacaatcag caacctggag 660

tctgaagatt ttgcagacta ttactgtcta cagttttatg agtttccgta cacgttcgga 720

gggggggacca agcttgagat caaatccgga ggtggtggat ccgaggtgca gctggtcgag 780

tctggaggag gattggtgca gcctggaggg tcattgaaac tctcatgtgc agcctctgga 840

ttcaccttca ataagtacgc catgaactgg gtccgccagg ctccaggaaa gggtttggaa 900

tgggttgctc gcataagaag taaatataat aattatgcaa catattatgc cgattcagtg 960

aaagacaggt tcaccatctc cagagatgat tcaaaaaaca ctgcctatct acaaatgaac 1020

aacttgaaaa ctgaggacac tgccgtgtac tactgtgtga gacatgggaa cttcggtaat 1080

agctacatat cctactgggc ttactggggc caagggactc tggtcaccgt ctcctcaggt 1140

ggtggtggtt ctggcggcgg cggctccggt ggtggtggtt ctcagactgt tgtgactcag 1200

gaaccttcac tcaccgtatc acctggtgga acagtcacac tcacttgtgg ctcctcgact 1260

ggggctgtta catctggcaa ctacccaaac tgggtccaac aaaaaccagg tcaggcaccc 1320

cgtggtctaa taggtgggac taagttcctc gcccccggta ctcctgccag attctcaggc 1380

tccctgcttg gaggcaaggc tgccctcacc ctctcagggg tacagccaga ggatgaggca 1440

gaatattact gtgttctatg gtacagcaac cgctgggtgt tcggtggagg aaccaaactg 1500

actgtccta 1509

<210> 1652

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOB12-H

<400> 1652

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Val Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1653

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOB12-HCDR1

<400> 1653

Asp Tyr Val Ile His
1 5

<210> 1654

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOB12-HCDR2

<400> 1654

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1655

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOB12-HCDR3

<400> 1655

Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1656

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOB12-H

<400> 1656

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaagcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actgtagaca catccgccag cacagcctac 240

atggagctca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1657

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOB12-L

<400> 1657

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala

20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met

85 90 95

Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1658

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12-LCDR1

<400> 1658

Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala

1 5 10

<210> 1659

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12-LCDR2

<400> 1659

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1 5

<210> 1660

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12-LCDR3

<400> 1660

Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr

1 5 10

<210> 1661

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12-L

<400> 1661

gacatccagc tgacccagtc tccaagcttc ctgtccgcat cagtaggaga cagagtcacc 60

atcacctgca gggccagtca gaatgtgggt actgctgtag cctggtatca acagaaacca 120

ggaaaagccc ctaaattact gatttactcg gcatcgaatc ggtacactgg agtccctagt 180

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag tctgcagcct 240

gaagacttcg caacttatta ctgccagcaa tataccaact atcccatgta tacgtttgga 300

caggggacca agctggaaat aaaa 324

<210> 1662

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12-HL

<400> 1662

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr

210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1663

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12-HL

<400> 1663

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaagcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actgtagaca catccgccag cacagcctac 240

atggagctca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagcctgaa 660

gacttcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa a 741

<210> 1664

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12 HL x I2C HL

<400> 1664

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140
Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile
145 150 155 160
Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln
165 170 175
Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn
180 185 190
Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205
Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr
210 215 220
Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln
225 230 235 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln
245 250 255
Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
275 280 285
Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300
Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1665

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00B12 HL x I2C HL

<400> 1665

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaagcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actgtagaca catccgccag cacagcctac 240

atggagctca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540
aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600
ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagcctgaa 660
gacttcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720
gggaccaagc tggaaataaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780
ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840
accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960
gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020
ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080
tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140
ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200
ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260
gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380
ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440
tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500
gtccta 1506

<210> 1666
<211> 124
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ENOOC3-H
<400> 1666

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30
Val Ile His Trp Val Arg Gln Gly Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Leu Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1667
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ENOOC3-HCDR1
<400> 1667
Asp Tyr Val Ile His
1 5

<210> 1668
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ENOOC3-HCDR2
<400> 1668
Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1669
<211> 15
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> ENOOC3-HCDR3

<400> 1669

Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1670

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-H

<400> 1670

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcaggga 120

cctggacagc gtcttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatg actctagaca aatccgccag cacagcctac 240

atgcaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1671

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-L

<400> 1671

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Asn Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala

20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Asn Arg Tyr 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 Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met

85 90 95

Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1672

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-LCDR1

<400> 1672

Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala

1 5 10

<210> 1673

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-LCDR2

<400> 1673

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1 5

<210> 1674

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-LCDR3

<400> 1674

Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr

1 5 10

<210> 1675

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-L

<400> 1675

gacatccagc tgacccagtc tccaaacttc ctgtccgcat cagtaggaga cagagtcacc 60

atcacctgca gggccagtca gaatgtgggt actgctgtag cctggtatca acagaaacca 120

ggaaaagccc ctaaattact gatttactcg gcatcgaatc ggtacactgg agtccctagt 180

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagat ttcactctca ccatcagcag tctgcagcct 240

gaagacttcg caacttatta ctgccagcaa tataccaact atcccatgta tacgtttgga 300

caggggacca agctggaaat aaaa 324

<210> 1676

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-HL

<400> 1676

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Arg Gln Gly Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Leu Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Asn Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr

210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1677

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3-HL

<400> 1677

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcaggga 120

cctggacagc gtcttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatg actctagaca aatccgccag cacagcctac 240

atgcaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aaacttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagatttc actctcacca tcagcagtct gcagcctgaa 660

gacttcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa a 741

<210> 1678

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOC3 HL x I2C HL

<400> 1678

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Val Ile His Trp Val Arg Gln Gly Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Met Thr Leu Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr
130 135 140

Gln Ser Pro Asn Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile
145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln
165 170 175

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn
180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr

210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1679

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00C3 HL x I2C HL

<400> 1679

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcaggga 120

cctggacagc gtcttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatg actctagaca aatccgccag cacagcctac 240

atgcaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aaacttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagatttc actctcacca tcagcagtct gcagcctgaa 660

gacttcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1680

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-H

<400> 1680

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Met Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Val Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1681

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-HCDR1

<400> 1681

Asp Tyr Val Ile His

1 5

<210> 1682

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-HCDR2

<400> 1682

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1683

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-HCDR3

<400> 1683

Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1684

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-H

<400> 1684

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgatgaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcaggca 120

cctggaaagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actgtagaca aatccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1685

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-L

<400> 1685

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Met Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala

20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr 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 Ser

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met

85 90 95

Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1686

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-LCDR1

<400> 1686

Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala

1 5 10

<210> 1687

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-LCDR2

<400> 1687

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1 5

<210> 1688

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-LCDR3

<400> 1688

Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr

1 5 10

<210> 1689

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-L

<400> 1689

gacatccagc tgacccagtc tccaagcttc atgtccgcat cagtaggaga cagagtcacc 60

atcacctgca gggccagtca gaatgtgggt actgctgtag cctggtatca acagaaacca 120

ggacaagccc ctaaattact gatttactcg gcatcgaatc ggtacactgg agtccctagt 180

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag tctgcagtct 240

gaagacttcg caacttatta ctgccagcaa tataccaact atcccatgta tacgtttgga 300

caggggacca agctggaaat aaaa 324

<210> 1690

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-HL

<400> 1690

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Met Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Ser Phe Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Thr

210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1691

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5-HL

<400> 1691

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgatgaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcaggca 120

cctggaaagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actgtagaca aatccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcatg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

caagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagtctgaa 660

gacttcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa a 741

<210> 1692

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5 HL x I2C HL

<400> 1692

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Met Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Ser Phe Met Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Phe Ala Thr

210 215 220

Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300
Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430
Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445
Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460
Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu
465 470 475 480
Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495
Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 1693
<211> 1506
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> EN01D5 HL x I2C HL

<400> 1693

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgatgaagc ctggggcttc agtgaagatg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcaggca 120

cctggaaagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actgtagaca aatccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcatg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

caagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagtctgaa 660

gacttcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1694

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOE4-H

<400> 1694

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Val Ile His Trp Met Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Leu Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1695

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOE4-HCDR1

<400> 1695

Asp Tyr Val Ile His
1 5

<210> 1696

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOE4-HCDR2

<400> 1696

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1697

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOE4-HCDR3

<400> 1697

Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 1698

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOE4-H

<400> 1698

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactggat gaggcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actctagaca catccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1699

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOE4-L

<400> 1699

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Lys Phe Met Ser Thr Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Lys Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala

20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Asn Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met

85 90 95

Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1700

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00E4-LCDR1

<400> 1700

Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala

1 5 10

<210> 1701

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00E4-LCDR2

<400> 1701

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1 5

<210> 1702

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00E4-LCDR3

<400> 1702

Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr

1 5 10

<210> 1703

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00E4-L

<400> 1703

gacatccagc tgacccagtc tccaaaattc atgtccacat cagtaggaga caaagtcacc 60

atcacctgca gggccagtca gaatgtgggt actgctgtag cctggtatca acagaaacca 120

ggaaaagccc ctaaattact gatttactcg gcatcgaatc ggtacactgg agtccctagt 180

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag tctgcagcct 240

gaagacttcg caaattattt ctgccagcaa tataccaact atcccatgta tacgtttgga 300

caggggacca agctggaaat aaaa 324

<210> 1704

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00E4-HL

<400> 1704

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Met Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Leu Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Lys Phe Met Ser Thr Ser Val Gly Asp Lys Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Asn

210 215 220

Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1705

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOE4-HL

<400> 1705

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactggat gaggcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actctagaca catccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aaaattcatg tccacatcag taggagacaa agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagcctgaa 660

gacttcgcaa attatttctg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa a 741

<210> 1706

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00E4 HL x I2C HL

<400> 1706

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Val Ile His Trp Met Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Leu Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Lys Phe Met Ser Thr Ser Val Gly Asp Lys Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Asn

210 215 220

Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430
Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445
Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
450 455 460
Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu
465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495
Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 1707
<211> 1506
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> EN00E4 HL x I2C HL
<400> 1707

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60
tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactggat gaggcaggca 120
cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actctagaca catccgccag cacagcctac 240
atggaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300
aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360
accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420
atccagctga cccagtctcc aaaattcatg tccacatcag taggagacaa agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagcctgaa 660

gacttcgcaa attatttctg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1708

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> En00F7-H

<400> 1708

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Gln Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1709

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOF7-HCDR1

<400> 1709

Asp Tyr Val Ile His

1 5

<210> 1710

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOF7-HCDR2

<400> 1710

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1711

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOF7-HCDR3

<400> 1711

Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1712

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-H

<400> 1712

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaagcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggcca ggtcacaatt actgtagaca catccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1713

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-L

<400> 1713

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala

20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Leu Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met

85 90 95

Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1714

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-LCDR1

<400> 1714

Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala

1 5 10

<210> 1715

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-LCDR2

<400> 1715

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1 5

<210> 1716

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-LCDR3

<400> 1716

Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr

1 5 10

<210> 1717

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-L

<400> 1717

gacatccagc tgacccagtc tccaagcttc ctgtccgcat cagtaggaga cagagtcacc 60

atcacctgca gggccagtca gaatgtgggt actgctgtag cctggtatca acagaaacca 120

ggaaaagccc ctaaattact gatttactcg gcatcgaatc ggtacactgg agtccctagt 180

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag tatgcagcct 240

gaagacctcg caacttattt ctgccagcaa tataccaact atcccatgta tacgtttgga 300

caggggacca agctggaaat aaaa 324

<210> 1718

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-HL

<400> 1718

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Gln Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Leu Ala Thr

210 215 220

Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1719

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00F7-HL

<400> 1719

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaagcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggcca ggtcacaatt actgtagaca catccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtat gcagcctgaa 660

gacctcgcaa cttatttctg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa a 741

<210> 1720

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> En00F7 HL x I2C HL

<400> 1720

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

Val Ile His Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Gln Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr

130 135 140

Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile

145 150 155 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln

165 170 175

Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn

180 185 190

Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr

195 200 205

Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Met Gln Pro Glu Asp Leu Ala Thr

210 215 220

Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 1721

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> En00F7 HL x I2C HL

<400> 1721

caggtgcagc tggtccagtc aggacctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaagcaggca 120

cctggacagc gccttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggcca ggtcacaatt actgtagaca catccgccag cacagcctac 240

atggaactca acagcctgag atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtat gcagcctgaa 660

gacctcgcaa cttatttctg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1722

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00H6-H

<400> 1722

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30

Val Ile His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Gly Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1723

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-HCDR1

<400> 1723

Asp Tyr Val Ile His

1 5

<210> 1724

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-HCDR2

<400> 1724

Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1725

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-HCDR3

<400> 1725

Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1726

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-H

<400> 1726

caggtgcagc tggtccagtc aggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcagaca 120

cctggacagc gtcttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actggagaca catccgccaa cacagcctac 240

atggaactca acagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1727

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00H6-L

<400> 1727

Asp Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala
20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr 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 Ser
65 70 75 80

Glu Asp Leu Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met
85 90 95

Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1728

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00H6-LCDR1

<400> 1728

Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala

1 5 10

<210> 1729

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-LCDR2

<400> 1729

Ser Ala Ser Asn Arg Tyr Thr

1 5

<210> 1730

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-LCDR3

<400> 1730

Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr

1 5 10

<210> 1731

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-L

<400> 1731

gacatccagc tgacccagtc tccaagcttc ctgtccgcat cagtaggaga cagagtcacc 60

atcacctgca gggccagtca gaatgtgggt actgctgtag cctggtatca acagaaacca 120

ggaaaagccc ctaaattact gatttactcg gcatcgaatc ggtacactgg agtccctagt 180

cgcttctcag gcagtggatc tgggacagag ttcactctca ccatcagcag tctgcagtct 240

gaagacctcg caacttatta ctgccagcaa tataccaact atcccatgta tacgtttgga 300

caggggacca agctggaaat aaaa 324

<210> 1732

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00H6-HL

<400> 1732

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr
20 25 30
Val Ile His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Gly Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr
130 135 140
Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile
145 150 155 160
Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln
165 170 175
Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn
180 185 190
Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
195 200 205
Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Leu Ala Thr
210 215 220
Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

245

<210> 1733

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6-HL

<400> 1733

caggtgcagc tggtccagtc aggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcagaca 120

cctggacagc gtcttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actggagaca catccgccaa cacagcctac 240

atggaactca acagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagtctgaa 660

gacctcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa a 741

<210> 1734

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> ENOOH6 HL x I2C HL

<400> 1734

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr

20 25 30

```
Val Ile His Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Tyr Ile Asn Pro Tyr Asp Asp Asp Thr Thr Tyr Asn Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Gly Asp Thr Ser Ala Asn Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Asn Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95

Ala Arg Arg Gly Asn Ser Tyr Asp Gly Tyr Phe Asp Tyr Ser Met Asp
            100                 105                 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
        115                 120                 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Leu Thr
    130                 135                 140
Gln Ser Pro Ser Phe Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile
145                 150                 155                 160

Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Ala Val Ala Trp Tyr Gln
                165                 170                 175
Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Asn
            180                 185                 190
Arg Tyr Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr
        195                 200                 205
Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ser Glu Asp Leu Ala Thr
    210                 215                 220

Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Thr Asn Tyr Pro Met Tyr Thr Phe Gly Gln
225                 230                 235                 240
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln
                245                 250                 255
Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys
            260                 265                 270
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
```

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300
Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp
355 360 365
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu
385 390 395 400
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln
420 425 430
Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe
435 440 445
Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
450 455 460
Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu
465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly
485 490 495
Thr Lys Leu Thr Val Leu
500

<210> 1735

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> EN00H6 HL x I2C HL

<400> 1735

caggtgcagc tggtccagtc aggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtgaagttg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gactatgtta tacactgggt gaggcagaca 120

cctggacagc gtcttgagtg gatgggatat attaatcctt atgatgatga tactacctac 180

aaccagaagt tcaagggccg ggtcacaatt actggagaca catccgccaa cacagcctac 240

atggaactca acagcctgac atctgaggac actgcagtct attactgtgc aagaaggggg 300

aactcctatg atggttactt cgactattct atggactact ggggtcaagg aaccttggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atccagctga cccagtctcc aagcttcctg tccgcatcag taggagacag agtcaccatc 480

acctgcaggg ccagtcagaa tgtgggtact gctgtagcct ggtatcaaca gaaaccagga 540

aaagccccta aattactgat ttactcggca tcgaatcggt acactggagt ccctagtcgc 600

ttctcaggca gtggatctgg gacagagttc actctcacca tcagcagtct gcagtctgaa 660

gacctcgcaa cttattactg ccagcaatat accaactatc ccatgtatac gtttggacag 720

gggaccaagc tggaaataaa atccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaaaactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 1736

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6-H

<400> 1736

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1737

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6-HCDR1

<400> 1737

Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 1738

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6-HCDR2

<400> 1738

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1739

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6-HCDR3

<400> 1739

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1740

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6-H

<400> 1740

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agccacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1741

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6-L

<400> 1741

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30
Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys

<210> 1742
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HEP14G6-LCDR1
<400> 1742
Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Thr

<210> 1743
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HEP14G6-LCDR2
<400> 1743
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1744

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14G6-LCDR3

<400> 1744

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1745

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14G6-L

<400> 1745

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1746

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14G6-LH

<400> 1746

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80
Ile Ser Arg Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95
Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

130 135 140
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160
Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175
Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245

<210> 1747

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14G6-LH

<400> 1747

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagccac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc c 741

<210> 1748

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6 LH x I2C HL

<400> 1748

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Thr Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Gln Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110
Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

130 135 140
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160
Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175
Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1749

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14G6 LH x I2C HL

<400> 1749

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgactgtga caccaggaga gccggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagcctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tgcaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagccac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1750

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-H

<400> 1750

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 1751
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> HEP14D2-HCDR1
<400> 1751
Asn Tyr Trp Leu Gly
1 5

<210> 1752
<211> 17
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> HEP14D2-HCDR2
<400> 1752
Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1753
<211> 10
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-HCDR3

<400> 1753

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr
1 5 10

<210> 1754

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-H

<400> 1754

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcaggcg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1755

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-L

<400> 1755

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1756

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-LCDR1

<400>

1756

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1757

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-LCDR2

<400> 1757

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1758

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-LCDR3

<400> 1758

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210

> 1759

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-L

<400> 1759

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1760

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-LH

<400> 1760

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr

195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

245

<210> 1761

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP14D2-LH

<400> 1761

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc c 741

<210> 1762

<211> 501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14D2 LH x I2C HL

<400> 1762

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220
Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240

Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1763

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp14D2 LH x I2C HL

<400> 1763

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atcagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtaccagc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaaa 240

atcagccgtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca ggcgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1764

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-H

<400> 1764

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr

20 25 30

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr 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

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 1765

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-HCDR1

<400> 1765

Asn Tyr Trp Leu Gly

1 5

<210> 1766

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-HCDR2

<400> 1766

Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1767

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-HCDR3

<400> 1767

Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1768

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-H

<400> 1768

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaaaaagc ctgggtcttc agtgaaggta 60

tcctgcaagg cttctggata caccttctct aactactggc taggttgggt aaggcagacg 120

cctggacagg gacttgagtg gatgggagat attttccctg gaagtggtaa tatccactac 180

aatgagaagt tcaagggcag agtcacaatc actgcagaca aatctacgag cacagcctat 240

atggaactca gtagcctgac atctgaggac actgctgtct attactgtgc aagactgagg 300

aactgggacg agcctatgga ctactggggc caagggacca cggtcaccgt ctcctcc 357

<210> 1769

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-L

<400> 1769

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser

20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn

65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn

85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1770

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-LCDR1

<400> 1770

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Thr

<210> 1771

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-LCDR2

<400> 1771

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1772

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-LCDR3

<400> 1772

Gln Asn Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1773

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-L

<400> 1773

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaac 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaa 339

<210> 1774

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> HEP18A6-LH

<400> 1774

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190
Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205
Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
245

<210> 1775
<211> 741
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> HEP18A6-LH
<400> 1775

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60
atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120
tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaac 240
atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300
ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360
ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420
aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480
tggctaggtt gggtaaggca gacgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540
cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660
gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720
accacggtca ccgtctcctc c 741

<210> 1776
<211> 501
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp18A6 LH x I2C HL

<400> 1776

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Gln Val Ser Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Asn Ser
20 25 30

Gly Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn
65 70 75 80

Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Asn
85 90 95

Asp Tyr Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile
100 105 110

Lys Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
130 135 140

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ser Asn Tyr
145 150 155 160

Trp Leu Gly Trp Val Arg Gln Thr Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
165 170 175

Gly Asp Ile Phe Pro Gly Ser Gly Asn Ile His Tyr Asn Glu Lys Phe
180 185 190

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala Tyr
195 200 205

Met Glu Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
210 215 220

Ala Arg Leu Arg Asn Trp Asp Glu Pro Met Asp Tyr Trp Gly Gln Gly
225 230 235 240
Thr Thr Val Thr Val Ser 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> 1777

<211> 1503

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> hEp18A6 LH x I2C HL

<400> 1777

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctgcctgtga caccaggaga gcaggtctct 60

atgagctgca agtccagtca gagtctgtta aacagtggaa atcaaaagaa ctacttgacc 120

tggtacctgc agaaaccagg gcagtctcct caactgttga tctactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg gaacagattt cactctcaac 240

atcagcagtg tggaggctga agacgtggga gtttattact gtcagaatga ttatagttat 300

ccgctcacgt tcggtcaagg gaccaagctt gagatcaaag gtggtggtgg ttctggcggc 360

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcaggtg cagctggtcc agtctggagc tgaggtgaaa 420

aagcctgggt cttcagtgaa ggtatcctgc aaggcttctg gatacacctt ctctaactac 480

tggctaggtt gggtaaggca gacgcctgga cagggacttg agtggatggg agatattttc 540

cctggaagtg gtaatatcca ctacaatgag aagttcaagg gcagagtcac aatcactgca 600

gacaaatcta cgagcacagc ctatatggaa ctcagtagcc tgacatctga ggacactgct 660

gtctattact gtgcaagact gaggaactgg gacgagccta tggactactg gggccaaggg 720

accacggtca ccgtctcctc cggaggtggt ggatccgagg tgcagctggt cgagtctgga 780

ggaggattgg tgcagcctgg agggtcattg aaactctcat gtgcagcctc tggattcacc 840

ttcaataagt acgccatgaa ctgggtccgc caggctccag gaaagggttt ggaatgggtt 900

gctcgcataa gaagtaaata taataattat gcaacatatt atgccgattc agtgaaagac 960

aggttcacca tctccagaga tgattcaaaa aacactgcct atctacaaat gaacaacttg 1020

aaaactgagg acactgccgt gtactactgt gtgagacatg ggaacttcgg taatagctac 1080

atatcctact gggcttactg gggccaaggg actctggtca ccgtctcctc aggtggtggt 1140

ggttctggcg gcggcggctc cggtggtggt ggttctcaga ctgttgtgac tcaggaacct 1200

tcactcaccg tatcacctgg tggaacagtc acactcactt gtggctcctc gactggggct 1260

gttacatctg gcaactaccc aaactgggtc caacaaaaac caggtcaggc accccgtggt 1320

ctaataggtg ggactaagtt cctcgccccc ggtactcctg ccagattctc aggctccctg 1380

cttggaggca aggctgccct caccctctca ggggtacagc cagaggatga ggcagaatat 1440

tactgtgttc tatggtacag caaccgctgg gtgttcggtg gaggaaccaa actgactgtc 1500

cta 1503

<210> 1778

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-H

<400> 1778

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ile 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 Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1779

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-HCDR1

<400> 1779

Glu Tyr Thr Ile His

1 5

<210> 1780

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-HCDR2

<400> 1780

Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1781

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-HCDR3

<400> 1781

Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1782

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-H

<400> 1782

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actatagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1783

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-L

<400> 1783

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ala Val Thr Val Gly

1 5 10 15

Glu Thr Ala Ser Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1784

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-LCDR1

<400> 1784

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1785

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-LCDR2

<400> 1785

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1786

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-LCDR3

<400> 1786

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1787

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223>

FA22A9-L

<400> 1787

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctagctgtga cagttggaga gacggcttct 60

atgagctgca agtccagtca gagcctttta tatagtcgta atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaagccagg gcagtctcct caactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacggattt cactctcacg 240

atcagcagag tggaggctga ggacgtggga gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggtggtgg gaccaaggtg gagatcaaa 339

<210> 1788

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-HL

<400> 1788

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ile 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 Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr
130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ala Val Thr Val Gly Glu Thr Ala Ser Met
145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn
165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu
210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro
225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

245 250

<210> 1789

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9-HL

<400> 1789

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actatagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta gctgtgacag ttggagagac ggcttctatg 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cggatttcac tctcacgatc 660

agcagagtgg aggctgagga cgtgggagtt tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaa 756

<210> 1790

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9 HL x I2C HL

<400> 1790

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Ile 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 Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ala Val Thr Val Gly Glu Thr Ala Ser Met

145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn

165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly

245 250 255

Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro

260 265 270

Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn

275 280 285

Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu

290 295 300

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr

305 310 315 320

Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys

325 330 335

Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

340 345 350

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser

355 360 365

Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr

385 390 395 400

Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val

405 410 415

Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr

420 425 430

Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile

435 440 445

Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly

450 455 460

Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro

465 470 475 480

Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp

485 490 495

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 1791

<211> 1521

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22A9 HL x I2C HL

<400> 1791

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actatagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta gctgtgacag ttggagagac ggcttctatg 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cggatttcac tctcacgatc 660

agcagagtgg aggctgagga cgtgggagtt tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1792

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-H

<400> 1792

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala 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 Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1793

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-HCDR1

<400> 1793

Glu Tyr Thr Ile His
1 5

<210> 1794

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-HCDR2

<400> 1794

Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 1795

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-HCDR3

<400> 1795

Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 1796

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-H

<400> 1796

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacagtcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actagagaca agtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1797

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-L

<400> 1797

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Val Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser
20 25 30
Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45
Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95
Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys

<210> 1798
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22C11-LCDR1
<400> 1798
Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15

Ala

<210> 1799
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22C11-LCDR2
<400> 1799

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1800

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-LCDR3

<400> 1800

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1801

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-L

<400> 1801

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctacctgtga cagttggaga gccggcttct 60

atcagctgca agtccagtca gagcctttta tatagtcgta atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaagccagg gcagtctcct caactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagactt caccctcaag 240

atctctcgtg tggaggcgga ggatgttgga atctattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggtggtgg gaccaaggtg gagatcaaa 339

<210> 1802

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-HL

<400> 1802

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala 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 Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Val Gly Glu Pro Ala Ser Ile

145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn

165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

245 250

<210> 1803

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11-HL

<400> 1803

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacagtcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actagagaca agtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta cctgtgacag ttggagagcc ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cagacttcac cctcaagatc 660

tctcgtgtgg aggcggagga tgttggaatc tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaa 756

<210> 1804

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11 HL x I2C HL

<400> 1804

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ser Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Arg Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala 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 Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr
130 135 140
Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Val Gly Glu Pro Ala Ser Ile
145 150 155 160
Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn
165 170 175
Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu

180 185 190
Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu
210 215 220
Ala Glu Asp Val Gly Ile Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro
225 230 235 240
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly

245 250 255
Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro
260 265 270
Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn
275 280 285
Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
290 295 300
Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr

305 310 315 320
Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys

325 330 335

Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

340 345 350

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser

355 360 365

Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr

385 390 395 400

Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val

405 410 415

Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr

420 425 430

Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile

435 440 445

Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly

450 455 460

Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro

465 470 475 480

Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp

485 490 495

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 1805

<211> 1521

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22C11 HL x I2C HL

<400> 1805

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacagtcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actagagaca agtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta cctgtgacag ttggagagcc ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cagacttcac cctcaagatc 660

tctcgtgtgg aggcggagga tgttggaatc tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1806

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8-H

<400> 1806

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Glu Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ile Asp Thr Ser Ser 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
Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1807

<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22D8-HCDR1
<400> 1807
Glu Tyr Thr Ile His
1 5

<210> 1808
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22D8-HCDR2
<400> 1808
Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1809

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8-HCDR3

<400> 1809

Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1810

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8-H

<400> 1810

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtggagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actatagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgac atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1811

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8-L

<400> 1811

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Val Gly

1 5 10 15

Glu Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60
Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys
65 70 75 80
Ile Ser Ser Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile
100 105 110
Lys

<210> 1812
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22D8-LCDR1
<400> 1812
Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu
1 5 10 15
Ala

<210> 1813
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22D8-LCDR2
<400> 1813
Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5
<210> 1814
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22D8-LCDR3

<400> 1814

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1815

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8-L

<400> 1815

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctacctgtga cagttggaga gcaggcttct 60

atcagctgca agtccagtca gagcctttta tatagtcgta atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaagccagg gcagtctcct aaactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacggattt cactctcaag 240

atcagcagtg tggaggctga ggatgttgga gtctattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggtggtgg gaccaaggtg gagatcaaa 339

<210> 1816

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8-HL

<400> 1816

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Glu Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ile Asp Thr Ser Ser 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

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Val Gly Glu Gln Ala Ser Ile

145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn

165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

245 250

<210> 1817

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8-HL

<400> 1817

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtggagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actatagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgac atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta cctgtgacag ttggagagca ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctaaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cggatttcac tctcaagatc 660

agcagtgtgg aggctgagga tgttggagtc tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaa 756

<210> 1818

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8 HL x I2C HL

<400> 1818

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Glu Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ile Asp Thr Ser Ser 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

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Val Gly Glu Gln Ala Ser Ile
145 150 155 160
Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn
165 170 175
Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu
180 185 190
Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Ser Val Glu
210 215 220
Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro
225 230 235 240
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly
245 250 255
Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro
260 265 270

Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn
275 280 285
Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
290 295 300
Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr
305 310 315 320
Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
325 330 335

Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala
340 345 350
Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser
355 360 365
Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr
385 390 395 400

Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val
405 410 415
Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr
420 425 430
Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile
435 440 445
Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly
450 455 460

Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro
465 470 475 480
Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp
485 490 495
Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 1819

<211> 1521

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22D8 HL x I2C HL

<400> 1819

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtggagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120
cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180
aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actatagaca cgtcctccag caccgcctac 240
atggagctca gcagcctgac atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300
atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360
accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420
atcgtgatga cacagactcc actctcccta cctgtgacag ttggagagca ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctaaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cggatttcac tctcaagatc 660

agcagtgtgg aggctgagga tgttggagtc tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1820

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-H

<400> 1820

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ile Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1821
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22E8-HCDR1
<400> 1821
Glu Tyr Thr Ile His
1 5

<210> 1822
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22E8-HCDR2
<400> 1822
Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 1823
<211> 15
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA22E8-HCDR3
<400> 1823
Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 1824

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-H

<400> 1824

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actatagaca cgtccgccag caccgcctac 240

atggagctcc gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1825

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-L

<400> 1825

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ala Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Gln Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Gly Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1826

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-LCDR1

<400> 1826

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1827

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-LCDR2

<400> 1827

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1828

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-LCDR3

<400> 1828

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1829

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-L

<400> 1829

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctagctgtga cacctggaga gcaggcttct 60

atcagctgca agtccagtca gagcctttta tatagtcgta atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtacctgc agaagccagg gcagtctcct caactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatttg ggacggattt cactctcaag 240

atcagcggag tggaggctga ggacgtggga gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggtggtgg gaccaaggtg gagatcaaa 339

<210> 1830

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-HL

<400> 1830

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ile Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ala Val Thr Pro Gly Glu Gln Ala Ser Ile
145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn
165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu
180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Gly Val Glu
210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro
225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
245 250

<210> 1831

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8-HL

<400> 1831

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actatagaca cgtccgccag caccgcctac 240

atggagctcc gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta gctgtgacac ctggagagca ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatttggga cggatttcac tctcaagatc 660

agcggagtgg aggctgagga cgtgggagtt tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaa 756

<210> 1832

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8 HL x I2C HL

<400> 1832

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile Thr Ile Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Ala Val Thr Pro Gly Glu Gln Ala Ser Ile

145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn

165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Phe Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Gly Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly

245 250 255

Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro

260 265 270

Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn

275 280 285

Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu

290 295 300

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr

305 310 315 320

Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys

325 330 335

Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

340 345 350

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser

355 360 365

Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr

385 390 395 400

Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val

405 410 415

Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr

420 425 430

Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile

435 440 445

Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly

450 455 460

Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro

465 470 475 480

Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp

485 490 495

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 1833

<211> 1521

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA22E8 HL x I2C HL

<400> 1833

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag ctggtgaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actatagaca cgtccgccag caccgcctac 240

atggagctcc gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta gctgtgacac ctggagagca ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

tacctgcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatttggga cggatttcac tctcaagatc 660

agcggagtgg aggctgagga cgtgggagtt tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1834

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-H

<400> 1834

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile 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 Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1835

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-HCDR1

<400> 1835

Glu Tyr Thr Ile His

1 5

<210> 1836

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-HCDR2

<400> 1836

Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1837

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-HCDR3

<400> 1837

Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1838

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-H

<400> 1838

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaagatg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actagagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1839

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-L

<400> 1839

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Gln Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1840

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-LCDR1

<400> 1840

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1841

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-LCDR2

<400> 1841

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1842

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-LCDR3

<400> 1842

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1843

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-L

<400> 1843

gacatcgtga tgacacagac tccattctcc ctacctgtga cacctggaga gccggcttct 60

atcagctgca agtccagtca gagcctttta tatagtcgta atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtaccagc agaagccagg gcagtctcct caactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacagactt caccctcaat 240

atctctcgtg tggaggcgga ggatgttgga gtctattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggtggtgg gaccaaggtg gagatcaaa 339

<210> 1844

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-HL

<400> 1844

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile 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 Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile

145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn

165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser Arg Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

245 250

<210> 1845

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3-HL

<400> 1845

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaagatg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actagagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc attctcccta cctgtgacac ctggagagcc ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

taccagcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cagacttcac cctcaatatc 660

tctcgtgtgg aggcggagga tgttggagtc tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaa 756

<210> 1846

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3 HL x I2C HL

<400> 1846

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Ile 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 Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr
130 135 140

Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile
145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn
165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Gln Leu Leu
180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Asn Ile Ser Arg Val Glu
210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro
225 230 235 240
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly
245 250 255
Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro
260 265 270
Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn
275 280 285

Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu
290 295 300
Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr
305 310 315 320
Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys
325 330 335
Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala
340 345 350

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser
355 360 365
Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr
385 390 395 400
Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val
405 410 415

Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr
420 425 430
Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile
435 440 445
Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly
450 455 460
Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro

465 470 475 480

Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp
485 490 495

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 1847

<211> 1521

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA20H3 HL x I2C HL

<400> 1847

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaagatg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacaata actagagaca cgtcctccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc attctcccta cctgtgacac ctggagagcc ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

taccagcaga agccagggca gtctcctcaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cagacttcac cctcaatatc 660

tctcgtgtgg aggcggagga tgttggagtc tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1848

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-H

<400> 1848

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 Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala His Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1849

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-HCDR1

<400> 1849

Glu Tyr Thr Ile His

1 5

<210> 1850

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-HCDR2

<400> 1850

Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1851

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-HCDR3

<400> 1851

Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr

1 5 10 15

<210> 1852

<211> 417

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-H

<400> 1852

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

catggacaga gccttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actgtagaca cgtccgccag caccgcctac 240

atggagctcc gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttct 417

<210> 1853

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-L

<400> 1853

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Ile Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser

20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1854

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-LCDR1

<400> 1854

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1855

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-LCDR2

<400> 1855

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1856

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-LCDR3

<400> 1856

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1857

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223

> FA19D12-L

<400> 1857

gacatcgtga tgacacagac tccattctcc ctacctgtga cacctggaga gccggcttct 60

atcagctgca agtccagtca gagcctttta tatagtcgta atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggtaccagc agaagccagg gcagtctcct aaactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacggattt cactctcaaa 240

atctccagag tggaggctga ggacgtggga gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggtggtgg gaccaaggtg gagatcaaa 339

<210> 1858

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-HL

<400> 1858

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 Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala His Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr
130 135 140

Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile
145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn
165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu
210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

245 250

<210> 1859

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12-HL

<400> 1859

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

catggacaga gccttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actgtagac

<210> 1860

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> FA19D12HL x I2C HL

<400> 1

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 Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala His Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Arg Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Phe Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Ile

145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn

165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly

245 250 255

Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro

260 265 270

Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn

275 280 285

Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu

290 295 300

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr

305 310 315 320

Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys

325 330 335

Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

340 345 350

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser
355 360 365

Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly
370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr
385 390 395 400

Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val
405 410 415

Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr

420 425 430

Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile
435 440 445

Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly
450 455 460

Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro
465 470 475 480

Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp
485 490 495

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 1861

<211> 1521

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D12HL x I2C HL

<400> 1

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaagg cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

catggacaga gccttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggtcacaata actgtagaca cgtccgccag caccgcctac 240

atggagctcc gcagcctgag atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc attctcccta cctgtgacac ctggagagcc ggcttctatc 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

taccagcaga agccagggca gtctcctaaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cggatttcac tctcaaaatc 660

tccagagtgg aggctgagga cgtgggagtt tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1862

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-H

<400> 1862

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Leu Thr Ile 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

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1863

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-HCDR1

<400> 1863

Glu Tyr Thr Ile His

1 5

<210> 1864

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-HCDR2

<400> 1864

Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 1865

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-HCDR3

<400> 1865

Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp Tyr
1 5 10 15

<210> 1866

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-H

<400> 1866

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacatta actatagaca cgtccgccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgac atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct ca 372

<210> 1867

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-L

<400> 1867

Asp Ile Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ala Ser Met Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser
20 25 30

Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Phe Leu Gln Lys Pro Gly Gln
35 40 45

Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val
50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys

65 70 75 80

Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile

100 105 110

Lys

<210> 1868

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-LCDR1

<400> 1868

Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 1869

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-LCDR2

<400> 1869

Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 1870

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-LCDR3

<400> 1870

Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 1871

<211> 339

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-L

<400> 1871

gacatcgtga tgacacagac tccactctcc ctacctgtga cacctggaga gccggcttct 60

atgagctgca agtccagtca gagcctttta tatagtcgta atcaaaagaa ctacttggcc 120

tggttcctgc agaagccagg gcagtctcct aaactgctga tttactgggc atccactagg 180

gaatctgggg tccctgatcg cttctcaggc agtggatctg ggacggattt cactctcaag 240

atcagcagag tggaggctga ggacgtggga gtttattact gtcagcaata ttttagctat 300

ccgctcacgt tcggtggtgg gaccaaggtg gagatcaaa 339

<210> 1872

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-HL

<400> 1872

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Leu Thr Ile 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

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp

100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly

115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr
130 135 140
Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Met
145 150 155 160
Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn
165 170 175
Tyr Leu Ala Trp Phe Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu
180 185 190
Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu
210 215 220
Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro
225 230 235 240
Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
245 250

<210> 1873

<211> 756

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9-HL

<400> 1873

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60
tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120
cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180
aatcagaagt tcaagggcag ggccacatta actatagaca cgtccgccag caccgcctac 240
atggagctca gcagcctgac atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300
atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360
accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta cctgtgacac ctggagagcc ggcttctatg 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

ttcctgcaga agccagggca gtctcctaaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cggatttcac tctcaagatc 660

agcagagtgg aggctgagga cgtgggagtt tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaa 756

<210> 1874

<211> 507

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9HL x I2C HL

<400> 1874

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 Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Arg Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Ala Thr Leu Thr Ile 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

Ala Arg Arg Arg Ile Ala Tyr Gly Tyr Asp Glu Gly His Ala Met Asp
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Val Met Thr
130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Thr Pro Gly Glu Pro Ala Ser Met
145 150 155 160

Ser Cys Lys Ser Ser Gln Ser Leu Leu Tyr Ser Arg Asn Gln Lys Asn

165 170 175

Tyr Leu Ala Trp Phe Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu

180 185 190

Ile Tyr Trp Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser

195 200 205

Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu

210 215 220

Ala Glu Asp Val Gly Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Phe Ser Tyr Pro

225 230 235 240

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly

245 250 255

Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro

260 265 270

Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn

275 280 285

Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu

290 295 300

Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr

305 310 315 320

Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys

325 330 335

Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala

340 345 350

Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser

355 360 365

Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr

385 390 395 400

Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val

405 410 415

Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr
420 425 430

Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile
435 440 445

Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly
450 455 460

Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro
465 470 475 480

Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp

485 490 495

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 1875

<211> 1521

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA19D9HL x I2C HL

<400> 1875

caggtgcagc tggtccagtc tggagctgag gtgaagaagc ctggggcttc agtaaaggtg 60

tcctgcaaga cttctggata cacattcact gaatacacca tacactgggt gagacaggcc 120

cctggacaga gacttgagtg gatgggaggt attaatccta acaatggtat tcctaactac 180

aatcagaagt tcaagggcag ggccacatta actatagaca cgtccgccag caccgcctac 240

atggagctca gcagcctgac atctgaggat actgcggtct attactgtgc aagaagaaga 300

atcgcctatg gttacgacga gggccatgct atggactact ggggtcaagg aaccctggtc 360

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctgac 420

atcgtgatga cacagactcc actctcccta cctgtgacac ctggagagcc ggcttctatg 480

agctgcaagt ccagtcagag ccttttatat agtcgtaatc aaaagaacta cttggcctgg 540

ttcctgcaga agccagggca gtctcctaaa ctgctgattt actgggcatc cactagggaa 600

tctggggtcc ctgatcgctt ctcaggcagt ggatctggga cggatttcac tctcaagatc 660

agcagagtgg aggctgagga cgtgggagtt tattactgtc agcaatattt tagctatccg 720

ctcacgttcg gtggtgggac caaggtggag atcaaatccg gaggtggtgg atccgaggtg 780

cagctggtcg agtctggagg aggattggtg cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt 840

gcagcctctg gattcacctt caataagtac gccatgaact gggtccgcca ggctccagga 900

aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga agtaaatata ataattatgc aacatattat 960

gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat 1020

ctacaaatga acaacttgaa aactgaggac actgccgtgt actactgtgt gagacatggg 1080

aacttcggta atagctacat atcctactgg gcttactggg gccaagggac tctggtcacc 1140

gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact 1200

gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt 1260

ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc aactacccaa actgggtcca acaaaaacca 1320

ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc 1380

agattctcag gctccctgct tggaggcaag gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca 1440

gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta tggtacagca accgctgggt gttcggtgga 1500

ggaaccaaac tgactgtcct a 1521

<210> 1876

<211> 122

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-H

<400> 1876

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1877

<211> 5

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-HCDR1

<400> 1877

Arg Tyr Trp Met Ser

1 5

<210> 1878

<211> 17

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-HCDR2

<400> 1878

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1879

<211> 13

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-HCDR3

<400> 1879

Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1880

<211> 366

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA87G9-H

<400> 1880

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1881

<211> 107

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-L

<400> 1881

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val
35 40 45

Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1882

<211> 11

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-LCDR1

<400> 1882

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 1883

<211> 7

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-LCDR2

<400> 1883

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp

1 5

<210> 1884

<211> 9

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-LCDR3

<400> 1884

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1885

<211> 321

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA87G9-L

<400> 1885

gagctcgtga tgacacagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtgg gaatattcac aattatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaaacct tagcagatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aggaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1886

<211> 244

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9-HL

<400> 1886

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser
130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys

<210> 1887

<211> 732

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA87G9-HL

<400> 1887

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtg 420

atgacacagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1888

<211> 499

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA87G9 HL x I2C HL

<400> 1888

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Tyr
20 25 30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60
Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser
130 135 140
Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175
Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205
Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr
210 215 220
Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
245 250 255
Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro

420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1889

<211> 1497

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA87G9 HL x I2C HL

<400> 1889

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtg 420

atgacacagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1890

<211> 122

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86C12-H

<400> 1890

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Ser
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1891

<211> 5

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86C12-HCDR1

<400> 1891

Arg Ser Trp Met Ser
1 5

<210> 1892

<211> 17

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86C12-HCDR2

<400> 1892

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1893

<211> 13

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86C12-HCDR3

<400> 1893

Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1894

<211> 366

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA86C12-H

<400> 1894

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatcctgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggcttgaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1895

<211> 107

<212> PRT

<213> murinee

<220><223> FA86C12-L

<400> 1895

Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val
35 40 45
Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1896
<211> 11
<212> PRT
<213> murine
<220><223> FA86C12-LCDR1
<400> 1896
Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 1897
<211> 7
<212> PRT
<213> murine
<220><223> FA86C12-LCDR2
<400> 1897
Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp
1 5

<210> 1898
<211> 9
<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86C12-LCDR3

<400> 1898

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1899

<211> 321

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA86C12-L

<400> 1899

gagctccaga tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtgg gaatattcac aattatttgg catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct agtctataat gcaaaaacct tagcggatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aggaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1900

<211> 244

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86C12-HL

<400> 1900

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys

145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys

165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala

180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr

195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys

<210> 1901

<211> 732

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA86C12-HL

<400> 1901

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatcctgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggcttgaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattatttg gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tagtctataa tgcaaaaacc ttagcggatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1902

<211> 499

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86C12 HL x I2C HL

<400> 1902

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys

145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys

165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala

180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr

195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro

420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1903

<211> 1497

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA86C12 HL x I2C HL

<400> 1903

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatcctgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggcttgaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattatttg gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tagtctataa tgcaaaaacc ttagcggatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1904

<211> 122

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86D2-H

<400> 1904

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp
100 105 110
Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1905
<211> 5
<212> PRT
<213> murine
<220><223> FA86D2-HCDR1
<400> 1905
Thr Tyr Trp Met Ser
1 5

<210> 1906
<211> 17

<212> PRT
<213> murine
<220><223> FA86D2-HCDR2
<400> 1906
Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys
1 5 10 15
Asp

<210> 1907
<211> 13
<212> PRT
<213> murine
<220><223> FA86D2-HCDR3
<400> 1907
Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr
1 5 10

<210> 1908

<211> 366

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA86D2-H

<400> 1908

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga acaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1909

<211> 107

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86D2-L

<400> 1909

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val

35 40 45

Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1910

<211> 11

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86D2-LCDR1

<400> 1910

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 1911

<211> 7

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86D2-LCDR2

<400> 1911

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp

1 5

<210> 1912

<211> 9

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86D2-LCDR3

<400> 1912

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1913

<211> 321

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA86D2-L

<400> 1913

gagctcgtca tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtgg gaatattcac aattatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaaacct tagcagatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aggaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1914

<211> 244

<212> PRT

<213> murine

<220><223> FA86D2-HL

<400> 1914

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser

130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys

145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys

165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr
210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys

<210> 1915

<211> 732

<212> DNA

<213> murine

<220><223> FA86D2-HL

<400> 1915

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga acaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtc 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1916

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D2 HL x I2C HL

<400> 1916

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser
130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr
210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro

420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1917

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D2 HL x I2C HL

<400> 1917

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga acaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtc 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1918

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-H

<400> 1918

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Thr Lys Val Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1919

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-HCDR1

<400> 1919

Thr Tyr Trp Met Ser

1 5

<210> 1920

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-HCDR2

<400> 1920

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1921

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-HCDR3

<400> 1921

Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1922

<211> 366

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-H

<400> 1922

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga ccaaagtgag acctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1923

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-L

<400> 1923

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gly Ser Ile His Asn Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val
35 40 45

Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1924

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-LCDR1

<400> 1924

Arg Ala Ser Gly Ser Ile His Asn Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 1925

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-LCDR2

<400> 1925

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp

1 5

<210> 1926

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-LCDR3

<400> 1926

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1927

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-L

<400> 1927

gagctcgtca tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtgg gagtattcac aattatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaaacct tagcagatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aggaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1928

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-HL

<400> 1928

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60
Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Leu Gln Met Thr Lys Val Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser
130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gly Ser Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175
Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190
Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205
Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220
Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1929
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6-HL

<400> 1929

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga ccaaagtgag acctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtc 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggagtattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1930

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86D6 HL x I2C HL

<400> 1930

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Thr Lys Val Arg Pro Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser
130 135 140
Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gly Ser Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys

165 170 175
Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190
Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205
Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr
210 215 220
Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
245 250 255
Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys
260 265 270
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
275 280 285
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys
290 295 300
Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320
Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
340 345 350
Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
355 360 365
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
385 390 395 400
Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415
Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460
Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480
Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495
Thr Val Leu

<210> 1931
<211> 1497
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA86D6 HL x I2C HL
<400> 1931
gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120
ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180
acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga ccaaagtgag acctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtc 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggagtattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1932

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-H

<400> 1932

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Ser

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1933

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-HCDR1

<400> 1933

Arg Ser Trp Met Ser

1 5

<210> 1934

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-HCDR2

<400> 1934

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1935

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-HCDR3

<400> 1935

Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr
1 5 10

<210> 1936

<211> 366

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-H

<400> 1936

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatcctgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggcttgaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1937

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-L

<400> 1937

Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val
35 40 45

Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Arg Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1938

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-LCDR1

<400> 1938

Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 1939

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-LCDR2

<400> 1939

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Glu

1 5

<210> 1940

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-LCDR3

<400> 1940

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1941

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-L

<400> 1941

gagctccaga tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtga gaatatttac agttatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaaacct tagcagaagg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aagaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1942

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5-HL

<400> 1942

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Ser
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175
Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190
Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Gln Tyr
195 200 205
Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220
Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1943
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA86E5-HL
<400> 1943
gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60
tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatcctgga tgagttgggt ccggcaggct 120
ccagggaaag ggcttgaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240
ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300
tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420
atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480
cgagcaagtg agaatattta cagttattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540
cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagaag gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caagaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1944

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5 HL x I2C HL

<400> 1944

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Arg Ser
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Ser Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160

Arg Ala Ser Glu Asn Ile Tyr Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala

180 185 190

Glu Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Arg Thr Gln Tyr

195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro

420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1945

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86E5 HL x I2C HL

<400> 1945

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt agatcctgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggcttgaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga gcaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg agaatattta cagttattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagaag gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caagaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1946

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-H

<400> 1946

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Asp Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1947

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-HCDR1

<400> 1947

Thr Tyr Trp Met Ser

1 5

<210> 1948

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-HCDR2

<400> 1948

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1949

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-HCDR3

<400> 1949

Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1950

<211> 366

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-H

<400> 1950

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga acaaagtgag atctgacgac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1951

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-L

<400> 1951

Glu Leu Val Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val
35 40 45

Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1952

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-LCDR1

<400> 1952

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 1953

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-LCDR2

<400> 1953

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp

1 5

<210> 1954

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-LCDR3

<400> 1954

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1955

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-L

<400> 1955

gagctcgtga tgacacagtc tccatcctcc ttatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtgg gaatattcac aattatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaaacct tagcagatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aggaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1956

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-HL

<400> 1956

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30
Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60
Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Asp Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser
130 135 140

Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175
Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190
Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205
Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220
Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys

<210> 1957

<211> 732

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10-HL

<400> 1957

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga acaaagtgag atctgacgac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtg 420

atgacacagt ctccatcctc cttatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1958

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10 HL x I2C HL

<400> 98

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Asp Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Ser

130 135 140

Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys

145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys

165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala

180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr

195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro

420 425 430

Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 1959

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F10 HL x I2C HL

<400> 1959

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga acaaagtgag atctgacgac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctcgtg 420

atgacacagt ctccatcctc cttatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1960

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-H

<400> 1960

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Asn Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Asp Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp
100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 1961

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-HCDR1

<400> 1961

Thr Tyr Trp Met Ser
1 5

<210> 1962

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-HCDR2

<400> 1962

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1963

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-HCDR3

<400> 1963

Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1964

<211> 366

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-H

<400> 1964

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaatctc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga acaaagtgag atctgacgac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1965

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-L

<400> 1965

Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val

35 40 45

Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 1966

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-LCDR1

<400> 1966

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 1967

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-LCDR2

<400> 1967

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp

1 5

<210> 1968

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-LCDR3

<400> 1968

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1969

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-L

<400> 1969

gagctccaga tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtgg gaatattcac aattatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaaacct tagcagatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aggaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1970

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12-HL

<400> 1970

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Asn Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Asp Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160
Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175
Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190
Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205
Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220
Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys
225 230 235 240
Leu Glu Ile Lys

<210> 1971
<211> 732
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA86F12-HL
<400> 1971
gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaatctc 60
tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120
ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240
ctgcaaatga acaaagtgag atctgacgac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300
tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1972

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F12 HL x I2C HL

<400> 1972

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Asn Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Ile Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Lys Val Arg Ser Asp Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys

145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys

165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala

180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr

195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys

260 265 270

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

275 280 285

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys

290 295 300

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn

325 330 335

Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

340 345 350

Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

355 360 365

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu

385 390 395 400

Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415
Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460
Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480
Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495
Thr Val Leu

<210> 1973
<211> 1497
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> FA86F12 HL x I2C HL
<400> 1973
gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaatctc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120
ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac gataaactat 180
acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240
ctgcaaatga acaaagtgag atctgacgac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300
tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360
tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420
atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540
cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600
ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660
gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1974

<211> 122

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-H

<400> 1974

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Val Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Thr Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr Trp

100 105 110

Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 1975

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-HCDR1

<400> 1975

Thr Tyr Trp Met Ser

1 5

<210> 1976

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-HCDR2

<400> 1976

Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Val Asn Tyr Thr Pro Ser Leu Lys

1 5 10 15

Asp

<210> 1977

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-HCDR3

<400> 1977

Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr

1 5 10

<210> 1978

<211> 366

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-H

<400> 1978

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac ggtaaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga ccaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctca 366

<210> 1979

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-L

<400> 1979

Glu Leu Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val
35 40 45

Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 1980

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-LCDR1

<400> 1980

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 1981

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-LCDR2

<400> 1981

Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp

1 5

<210> 1982

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-LCDR3

<400> 1982

Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 1983

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-L

<400> 1983

gagctccaga tgacccagtc tccagcctcc ctatctgcat ctgtgggaga aactgtcacc 60

atcacatgtc gagcaagtgg gaatattcac aattatttag catggtatca gcagaaacag 120

ggaaaatctc ctcagctcct ggtctataat gcaaaaacct tagcagatgg tgtgccatca 180

aggttcagtg gcagtggatc aggaacacaa tattctctca agatcaacag cctgcagcct 240

gaagattttg ggagttatta ctgtcaacat ttttggagta ctccgtacac gttcggaggg 300

gggaccaagc ttgagatcaa a 321

<210> 1984

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-HL

<400> 1984

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Val Asn Tyr Thr Pro Ser Leu
50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Thr Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser
130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys
145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala
180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr
195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys

<210> 1985

<211> 732

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2-HL

<400> 1985

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac ggtaaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga ccaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aa 732

<210> 1986

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2 HL x I2C HL

<400> 1986

Glu Val Gln Leu Leu Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Asp Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Trp Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Asp Ser Ser Thr Val Asn Tyr Thr Pro Ser Leu

50 55 60

Lys Asp Lys Phe Ile Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Thr Lys Val Arg Ser Glu Asp Thr Ala Leu Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Gly Gly Tyr Tyr Arg Tyr Pro Tyr Tyr Tyr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser

130 135 140

Pro Ala Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Glu Thr Val Thr Ile Thr Cys

145 150 155 160

Arg Ala Ser Gly Asn Ile His Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys

165 170 175

Gln Gly Lys Ser Pro Gln Leu Leu Val Tyr Asn Ala Lys Thr Leu Ala

180 185 190

Asp Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Gln Tyr

195 200 205

Ser Leu Lys Ile Asn Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Gly Ser Tyr Tyr

210 215 220

Cys Gln His Phe Trp Ser Thr Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

245 250 255

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys
260 265 270
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
275 280 285
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys
290 295 300
Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305 310 315 320
Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
325 330 335
Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
340 345 350
Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
355 360 365
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
370 375 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
385 390 395 400
Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
405 410 415
Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
420 425 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
435 440 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala

450 455 460
Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys
465 470 475 480
Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
485 490 495
Thr Val Leu

<210> 1987

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> FA86F2 HL x I2C HL

<400> 1987

gaggtgcagc tgctcgagtc tggaggtggc ctggtgcagc ctggaggatc cctgaaactc 60

tcctgtgcag cctcaggatt cgattttagt acatactgga tgagttgggt ccggcaggct 120

ccagggaaag ggctagaatg gattggagaa attaatccag atagcagtac ggtaaactat 180

acgccatctc taaaggataa attcatcatc tccagagaca acgccaaaaa tacgctgtac 240

ctgcaaatga ccaaagtgag atctgaggac acagcccttt attactgtgc aggaggatac 300

tataggtacc catattacta tactatggac tactggggcc aagggaccac ggtcaccgtc 360

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tgagctccag 420

atgacccagt ctccagcctc cctatctgca tctgtgggag aaactgtcac catcacatgt 480

cgagcaagtg ggaatattca caattattta gcatggtatc agcagaaaca gggaaaatct 540

cctcagctcc tggtctataa tgcaaaaacc ttagcagatg gtgtgccatc aaggttcagt 600

ggcagtggat caggaacaca atattctctc aagatcaaca gcctgcagcc tgaagatttt 660

gggagttatt actgtcaaca tttttggagt actccgtaca cgttcggagg ggggaccaag 720

cttgagatca aatccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaaaact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 1988

<211> 4104

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> human IGF-R1 construct

<400> 1988

atgaagtctg gctccggcgg agggtccccg acctcgctgt gggggctcct gtttctctcc 60

gccgcgctct cgctctggcc gacgagtgga gaaatctgcg ggccaggcat cgacatccgc 120

aacgactatc agcagctgaa gcgcctggag aactgcacgg tgatcgaggg ctacctccac 180

atcctgctca tctccaaggc cgaggactac cgcagctacc gcttccccaa gctcacggtc 240

attaccgagt acttgctgct gttccgagtg gctggcctcg agagcctcgg agacctcttc 300

cccaacctca cggtcatccg cggctggaaa ctcttctaca actacgccct ggtcatcttc 360

gagatgacca atctcaagga tattgggctt tacaacctga ggaacattac tcgggggcc 420

atcaggattg agaaaaatgc tgacctctgt tacctctcca ctgtggactg gtccctgatc 480

ctggatgcgg tgtccaataa ctacattgtg gggaataagc ccccaaagga atgtggggac 540

ctgtgtccag ggaccatgga ggagaagccg atgtgtgaga agaccaccat caacaatgag 600

tacaactacc gctgctggac cacaaaccgc tgccagaaaa tgtgcccaag cacgtgtggg 660

aagcgggcgt gcaccgagaa caatgagtgc tgccaccccg agtgcctggg cagctgcagc 720

gcgcctgaca acgacacggc ctgtgtagct tgccgccact actactatgc cggtgtctgt 780

gtgcctgcct gcccgcccaa cacctacagg tttgagggct ggcgctgtgt ggaccgtgac 840

ttctgcgcca acatcctcag cgccgagagc agcgactccg aggggtttgt gatccacgac 900

ggcgagtgca tgcaggagtg cccctcgggc ttcatccgca acggcagcca gagcatgtac 960

tgcatccctt gtgaaggtcc ttgcccgaag gtctgtgagg aagaaaagaa aacaaagacc 1020

attgattctg ttacttctgc tcagatgctc caaggatgca ccatcttcaa gggcaatttg 1080

ctcattaaca tccgacgggg gaataacatt gcttcagagc tggagaactt catggggctc 1140

atcgaggtgg tgacgggcta cgtgaagatc cgccattctc atgccttggt ctccttgtcc 1200

ttcctaaaaa accttcgcct catcctagga gaggagcagc tagaagggaa ttactccttc 1260

tacgtcctcg acaaccagaa cttgcagcaa ctgtgggact gggaccaccg caacctgacc 1320

atcaaagcag ggaaaatgta ctttgctttc aatcccaaat tatgtgtttc cgaaatttac 1380

cgcatggagg aagtgacggg gactaaaggg cgccaaagca aaggggacat aaacaccagg 1440

aacaacgggg agagagcctc ctgtgaaagt gacgtcctgc atttcacctc caccaccacg 1500

tcgaagaatc gcatcatcat aacctggcac cggtaccggc cccctgacta cagggatctc 1560

atcagcttca ccgtttacta caaggaagca ccctttaaga atgtcacaga gtatgatggg 1620

caggatgcct gcggctccaa cagctggaac atggtggacg tggacctccc gcccaacaag 1680

gacgtggagc ccggcatctt actacatggg ctgaagccct ggactcagta cgccgtttac 1740

gtcaaggctg tgaccctcac catggtggag aacgaccata tccgtggggc caagagtgag 1800

atcttgtaca ttcgcaccaa tgcttcagtt ccttccattc ccttggacgt tctttcagca 1860

tcgaactcct cttctcagtt aatcgtgaag tggaaccctc cctctctgcc caacggcaac 1920

ctgagttact acattgtgcg ctggcagcgg cagcctcagg acggctacct ttaccggcac 1980

aattactgct ccaaagacaa aatccccatc aggaagtatg ccgacggcac catcgacatt 2040

gaggaggtca cagagaaccc caagactgag gtgtgtggtg gggagaaagg gccttgctgc 2100

gcctgcccca aaactgaagc cgagaagcag gccgagaagg aggaggctga ataccgcaaa 2160

gtctttgaga atttcctgca caactccatc ttcgtgccca gacctgaaag gaagcggaga 2220

gatgtcatgc aagtggccaa caccaccatg tccagccgaa gcaggaacac cacggccgca 2280

gacacctaca acatcaccga cccggaagag ctggagacag agtacccttt ctttgagagc 2340

agagtggata acaaggagag aactgtcatt tctaaccttc ggcctttcac attgtaccgc 2400

atcgatatcc acagctgcaa ccacgaggct gagaagctgg gctgcagcgc ctccaacttc 2460

gtctttgcaa ggactatgcc cgcagaagga gcagatgaca ttcctgggcc agtgacctgg 2520

gagccaaggc ctgaaaactc catcttttta aagtggccgg aacctgagaa tcccaatgga 2580

ttgattctaa tgtatgaaat aaaatacgga tcacaagttg aggatcagcg agaatgtgtg 2640

tccagacagg aatacaggaa gtatggaggg gccaagctaa accggctaaa cccggggaac 2700

tacacagccc ggattcaggc cacatctctc tctgggaatg ggtcgtggac agatcctgtg 2760

ttcttctatg tccaggccaa aacaggatat gaaaacttca tccatctgat catcgctctg 2820

cccgtcgctg tcctgttgat cgtgggaggg ttggtgatta tgctgtacgt cttccataga 2880

aagagaaata acagcaggct ggggaatgga gtgctgtatg cctctgtgaa cccggagtac 2940

ttcagcgctg ctgatgtgta cgttcctgat gagtgggagg tggctcggga gaagatcacc 3000

atgagccggg aacttgggca ggggtcgttt gggatggtct atgaaggagt tgccaagggt 3060

gtggtgaaag atgaacctga aaccagagtg gccattaaaa cagtgaacga ggccgcaagc 3120

atgcgtgaga ggattgagtt tctcaacgaa gcttctgtga tgaaggagtt caattgtcac 3180

catgtggtgc gattgctggg tgtggtgtcc caaggccagc caacactggt catcatggaa 3240

ctgatgacac ggggcgatct caaaagttat ctccggtctc tgaggccaga aatggagaat 3300

aatccagtcc tagcacctcc aagcctgagc aagatgattc agatggccgg agagattgca 3360

gacggcatgg catacctcaa cgccaataag ttcgtccaca gagaccttgc tgcccggaat 3420

tgcatggtag ccgaagattt cacagtcaaa atcggagatt ttggtatgac gcgagatatc 3480

tatgagacag actattaccg gaaaggaggg aaagggctgc tgcccgtgcg ctggatgtct 3540

cctgagtccc tcaaggatgg agtcttcacc acttactcgg acgtctggtc cttcggggtc 3600

gtcctctggg agatcgccac actggccgag cagccctacc agggcttgtc caacgagcaa 3660

gtccttcgct tcgtcatgga gggcggcctt ctggacaagc cagacaactg tcctgacatg 3720

ctgtttgaac tgatgcgcat gtgctggcag tataacccca agatgaggcc ttccttcctg 3780

gagatcatca gcagcatcaa agaggagatg gagcctggct tccgggaggt ctccttctac 3840

tacagcgagg agaacaagct gcccgagccg gaggagctgg acctggagcc agagaacatg 3900

gagagcgtcc ccctggaccc ctcggcctcc tcgtcctccc tgccactgcc cgacagacac 3960

tcaggacaca aggccgagaa cggccccggc cctggggtgc tggtcctccg cgccagcttc 4020

gacgagagac agccttacgc ccacatgaac gggggccgca agaacgagcg ggccttgccg 4080

ctgccccagt cttcgacctg ctga 4104

<210> 1989

<211> 1367

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human IGF-R1 construct

<400> 1989

Met Lys Ser Gly Ser Gly Gly Gly Ser Pro Thr Ser Leu Trp Gly Leu

1 5 10 15

Leu Phe Leu Ser Ala Ala Leu Ser Leu Trp Pro Thr Ser Gly Glu Ile

20 25 30

Cys Gly Pro Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg

35 40 45

Leu Glu Asn Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu Leu Ile

50 55 60

Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val

65 70 75 80

Ile Thr Glu Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu

85 90 95

Gly Asp Leu Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe
100 105 110
Tyr Asn Tyr Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile
115 120 125
Gly Leu Tyr Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu
130 135 140
Lys Asn Ala Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser Leu Ile

145 150 155 160
Leu Asp Ala Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys
165 170 175
Glu Cys Gly Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro Met Cys
180 185 190
Glu Lys Thr Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr
195 200 205
Asn Arg Cys Gln Lys Met Cys Pro Ser Thr Cys Gly Lys Arg Ala Cys
210 215 220

Thr Glu Asn Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys Ser
225 230 235 240
Ala Pro Asp Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr
245 250 255
Ala Gly Val Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg Phe Glu
260 265 270
Gly Trp Arg Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu Ser Ala
275 280 285
Glu Ser Ser Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu Cys Met

290 295 300
Gln Glu Cys Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser Met Tyr
305 310 315 320
Cys Ile Pro Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Glu Glu Glu Lys
325 330 335
Lys Thr Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly
340 345 350

Cys Thr Ile Phe Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn
355 360 365

Asn Ile Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val
370 375 380
Thr Gly Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser
385 390 395 400
Phe Leu Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly
405 410 415
Asn Tyr Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp
420 425 430
Asp Trp Asp His Arg Asn Leu Thr Ile Lys Ala Gly Lys Met Tyr Phe

435 440 445
Ala Phe Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu
450 455 460
Val Thr Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg
465 470 475 480
Asn Asn Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu His Phe Thr
485 490 495
Ser Thr Thr Thr Ser Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr
500 505 510

Arg Pro Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys
515 520 525
Glu Ala Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys
530 535 540
Gly Ser Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys
545 550 555 560
Asp Val Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln
565 570 575
Tyr Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp

580 585 590
His Ile Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala

595 600 605

Ser Val Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser

610 615 620

Ser Gln Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Ser Leu Pro Asn Gly Asn

625 630 635 640

Leu Ser Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr

645 650 655

Leu Tyr Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys

660 665 670

Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Asp Ile Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys

675 680 685

Thr Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys

690 695 700

Thr Glu Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys

705 710 715 720

Val Phe Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu

725 730 735

Arg Lys Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser

740 745 750

Arg Ser Arg Asn Thr Thr Ala Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Pro

755 760 765

Glu Glu Leu Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn

770 775 780

Lys Glu Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg

785 790 795 800

Ile Asp Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser

805 810 815

Ala Ser Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp

820 825 830

Asp Ile Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile

835 840 845

Phe Leu Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met

850 855 860

Tyr Glu Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val

865 870 875 880

Ser Arg Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu

885 890 895

Asn Pro Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly

900 905 910

Asn Gly Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Gln Ala Lys Thr

915 920 925

Gly Tyr Glu Asn Phe Ile His Leu Ile Ile Ala Leu Pro Val Ala Val

930 935 940

Leu Leu Ile Val Gly Gly Leu Val Ile Met Leu Tyr Val Phe His Arg

945 950 955 960

Lys Arg Asn Asn Ser Arg Leu Gly Asn Gly Val Leu Tyr Ala Ser Val

965 970 975

Asn Pro Glu Tyr Phe Ser Ala Ala Asp Val Tyr Val Pro Asp Glu Trp

980 985 990

Glu Val Ala Arg Glu Lys Ile Thr Met Ser Arg Glu Leu Gly Gln Gly

995 1000 1005

Ser Phe Gly Met Val Tyr Glu Gly Val Ala Lys Gly Val Val Lys Asp

1010 1015 1020

Glu Pro Glu Thr Arg Val Ala Ile Lys Thr Val Asn Glu Ala Ala Ser

1025 1030 1035 1040

Met Arg Glu Arg Ile Glu Phe Leu Asn Glu Ala Ser Val Met Lys Glu

1045 1050 1055

Phe Asn Cys His His Val Val Arg Leu Leu Gly Val Val Ser Gln Gly

1060 1065 1070

Gln Pro Thr Leu Val Ile Met Glu Leu Met Thr Arg Gly Asp Leu Lys

1075 1080 1085

Ser Tyr Leu Arg Ser Leu Arg Pro Glu Met Glu Asn Asn Pro Val Leu

1090 1095 1100

Ala Pro Pro Ser Leu Ser Lys Met Ile Gln Met Ala Gly Glu Ile Ala
1105 1110 1115 1120
Asp Gly Met Ala Tyr Leu Asn Ala Asn Lys Phe Val His Arg Asp Leu
1125 1130 1135
Ala Ala Arg Asn Cys Met Val Ala Glu Asp Phe Thr Val Lys Ile Gly
1140 1145 1150
Asp Phe Gly Met Thr Arg Asp Ile Tyr Glu Thr Asp Tyr Tyr Arg Lys

1155 1160 1165
Gly Gly Lys Gly Leu Leu Pro Val Arg Trp Met Ser Pro Glu Ser Leu
1170 1175 1180
Lys Asp Gly Val Phe Thr Thr Tyr Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val
1185 1190 1195 1200
Val Leu Trp Glu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Gln Pro Tyr Gln Gly Leu
1205 1210 1215
Ser Asn Glu Gln Val Leu Arg Phe Val Met Glu Gly Gly Leu Leu Asp
1220 1225 1230

Lys Pro Asp Asn Cys Pro Asp Met Leu Phe Glu Leu Met Arg Met Cys
1235 1240 1245
Trp Gln Tyr Asn Pro Lys Met Arg Pro Ser Phe Leu Glu Ile Ile Ser
1250 1255 1260
Ser Ile Lys Glu Glu Met Glu Pro Gly Phe Arg Glu Val Ser Phe Tyr
1265 1270 1275 1280
Tyr Ser Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Pro Glu Glu Leu Asp Leu Glu
1285 1290 1295
Pro Glu Asn Met Glu Ser Val Pro Leu Asp Pro Ser Ala Ser Ser Ser

1300 1305 1310
Ser Leu Pro Leu Pro Asp Arg His Ser Gly His Lys Ala Glu Asn Gly
1315 1320 1325
Pro Gly Pro Gly Val Leu Val Leu Arg Ala Ser Phe Asp Glu Arg Gln
1330 1335 1340
Pro Tyr Ala His Met Asn Gly Gly Arg Lys Asn Glu Arg Ala Leu Pro
1345 1350 1355 1360

Leu Pro Gln Ser Ser Thr Cys

1365

<210> 1990

<211> 3531

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> soluble fusion protein of h IGF-R1 and m IgG1 Fc

<400> 1990

atgaagtctg gctccggcgg agggtccccg acctcgctgt gggggctcct gtttctctcc 60

gccgcgctct cgctctggcc gacgagtgga gaaatctgcg ggccaggcat cgacatccgc 120

aacgactatc agcagctgaa gcgcctggag aactgcacgg tgatcgaggg ctacctccac 180

atcctgctca tctccaaggc cgaggactac cgcagctacc gcttccccaa gctcacggtc 240

attaccgagt acttgctgct gttccgagtg gctggcctcg agagcctcgg agacctcttc 300

cccaacctca cggtcatccg cggctggaaa ctcttctaca actacgccct ggtcatcttc 360

gagatgacca atctcaagga tattgggctt tacaacctga ggaacattac tcgggggcc 420

atcaggattg agaaaaatgc tgacctctgt tacctctcca ctgtggactg gtccctgatc 480

ctggatgcgg tgtccaataa ctacattgtg gggaataagc ccccaaagga atgtggggac 540

ctgtgtccag ggaccatgga ggagaagccg atgtgtgaga agaccaccat caacaatgag 600

tacaactacc gctgctggac cacaaaccgc tgccagaaaa tgtgcccaag cacgtgtggg 660

aagcgggcgt gcaccgagaa caatgagtgc tgccaccccg agtgcctggg cagctgcagc 720

gcgcctgaca acgacacggc ctgtgtagct tgccgccact actactatgc cggtgtctgt 780

gtgcctgcct gcccgcccaa cacctacagg tttgagggct ggcgctgtgt ggaccgtgac 840

ttctgcgcca acatcctcag cgccgagagc agcgactccg aggggtttgt gatccacgac 900

ggcgagtgca tgcaggagtg cccctcgggc ttcatccgca acggcagcca gagcatgtac 960

tgcatccctt gtgaaggtcc ttgcccgaag gtctgtgagg aagaaaagaa aacaaagacc 1020

attgattctg ttacttctgc tcagatgctc caaggatgca ccatcttcaa gggcaatttg 1080

ctcattaaca tccgacgggg gaataacatt gcttcagagc tggagaactt catggggctc 1140

atcgaggtgg tgacgggcta cgtgaagatc cgccattctc atgccttggt ctccttgtcc 1200

ttcctaaaaa accttcgcct catcctagga gaggagcagc tagaagggaa ttactccttc 1260

tacgtcctcg acaaccagaa cttgcagcaa ctgtgggact gggaccaccg caacctgacc 1320

atcaaagcag ggaaaatgta ctttgctttc aatcccaaat tatgtgtttc cgaaatttac 1380

cgcatggagg aagtgacggg gactaaaggg cgccaaagca aaggggacat aaacaccagg 1440

aacaacgggg agagagcctc ctgtgaaagt gacgtcctgc atttcacctc caccaccacg 1500

tcgaagaatc gcatcatcat aacctggcac cggtaccggc cccctgacta cagggatctc 1560

atcagcttca ccgtttacta caaggaagca ccctttaaga atgtcacaga gtatgatggg 1620

caggatgcct gcggctccaa cagctggaac atggtggacg tggacctccc gcccaacaag 1680

gacgtggagc ccggcatctt actacatggg ctgaagccct ggactcagta cgccgtttac 1740

gtcaaggctg tgaccctcac catggtggag aacgaccata tccgtggggc caagagtgag 1800

atcttgtaca ttcgcaccaa tgcttcagtt ccttccattc ccttggacgt tctttcagca 1860

tcgaactcct cttctcagtt aatcgtgaag tggaaccctc cctctctgcc caacggcaac 1920

ctgagttact acattgtgcg ctggcagcgg cagcctcagg acggctacct ttaccggcac 1980

aattactgct ccaaagacaa aatccccatc aggaagtatg ccgacggcac catcgacatt 2040

gaggaggtca cagagaaccc caagactgag gtgtgtggtg gggagaaagg gccttgctgc 2100

gcctgcccca aaactgaagc cgagaagcag gccgagaagg aggaggctga ataccgcaaa 2160

gtctttgaga atttcctgca caactccatc ttcgtgccca gacctgaaag gaagcggaga 2220

gatgtcatgc aagtggccaa caccaccatg tccagccgaa gcaggaacac cacggccgca 2280

gacacctaca acatcaccga cccggaagag ctggagacag agtacccttt ctttgagagc 2340

agagtggata acaaggagag aactgtcatt tctaaccttc ggcctttcac attgtaccgc 2400

atcgatatcc acagctgcaa ccacgaggct gagaagctgg gctgcagcgc ctccaacttc 2460

gtctttgcaa ggactatgcc cgcagaagga gcagatgaca ttcctgggcc agtgacctgg 2520

gagccaaggc ctgaaaactc catcttttta aagtggccgg aacctgagaa tcccaatgga 2580

ttgattctaa tgtatgaaat aaaatacgga tcacaagttg aggatcagcg agaatgtgtg 2640

tccagacagg aatacaggaa gtatggaggg gccaagctaa accggctaaa cccggggaac 2700

tacacagccc ggattcaggc cacatctctc tctgggaatg ggtcgtggac agatcctgtg 2760

ttcttctatg tccaggccaa aacaggatat gaaaacttca tccattccgg aggtggtgga 2820

tccgtgccca gggattgtgg ttgtaagcct tgcatatgta cagtcccaga agtatcatct 2880

gtcttcatct tccccccaaa gcccaaggat gtgctcacca ttactctgac tcctaaggtc 2940

acgtgtgttg tggtagacat cagcaaggat gatcccgagg tccagttcag ctggtttgta 3000

gatgatgtgg aggtgcacac agctcagacg aaaccccggg aggagcagat caacagcact 3060

ttccgttcag tcagtgaact tcccatcatg caccaggact ggctcaatgg caaggagttc 3120

aaatgcaggg tcaacagtgc agctttccct gcccccatcg agaaaaccat ctccaaaacc 3180

aaaggcagac cgaaggctcc acaggtgtac accattccac ctcccaagga gcagatggcc 3240

aaggataaag tcagtctgac ctgcatgata acaaacttct tccctgaaga cattactgtg 3300
gagtggcagt ggaatgggca gccagcggag aactacaaga acactcagcc catcatggac 3360
acagatggct cttacttcgt ctacagcaag ctcaatgtgc agaagagcaa ctgggaggca 3420
ggaaatactt tcacctgctc tgtgttacat gagggcctgc acaaccacca tactgagaag 3480
agcctctccc actctcctgg taaatccggg catcatcacc atcatcattg a 3531

<210> 1991

<211> 1176

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> soluble fusion protein of h IGF-R1 and m IgG1 Fc

<400> 1991

Met Lys Ser Gly Ser Gly Gly Gly Ser Pro Thr Ser Leu Trp Gly Leu
1 5 10 15
Leu Phe Leu Ser Ala Ala Leu Ser Leu Trp Pro Thr Ser Gly Glu Ile
20 25 30
Cys Gly Pro Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg
35 40 45
Leu Glu Asn Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu Leu Ile
50 55 60
Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val

65 70 75 80
Ile Thr Glu Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu
85 90 95
Gly Asp Leu Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe
100 105 110
Tyr Asn Tyr Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile
115 120 125
Gly Leu Tyr Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu
130 135 140

Lys Asn Ala Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser Leu Ile

145 150 155 160

Leu Asp Ala Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys

165 170 175

Glu Cys Gly Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro Met Cys

180 185 190

Glu Lys Thr Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr

195 200 205

Asn Arg Cys Gln Lys Met Cys Pro Ser Thr Cys Gly Lys Arg Ala Cys

210 215 220

Thr Glu Asn Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys Ser

225 230 235 240

Ala Pro Asp Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr

245 250 255

Ala Gly Val Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg Phe Glu

260 265 270

Gly Trp Arg Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu Ser Ala

275 280 285

Glu Ser Ser Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu Cys Met

290 295 300

Gln Glu Cys Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser Met Tyr

305 310 315 320

Cys Ile Pro Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Glu Glu Glu Lys

325 330 335

Lys Thr Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly

340 345 350

Cys Thr Ile Phe Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn

355 360 365

Asn Ile Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val

370 375 380

Thr Gly Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser

385 390 395 400

Phe Leu Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly

405 410 415

Asn Tyr Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp

420 425 430

Asp Trp Asp His Arg Asn Leu Thr Ile Lys Ala Gly Lys Met Tyr Phe

435 440 445

Ala Phe Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu

450 455 460

Val Thr Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg

465 470 475 480

Asn Asn Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu His Phe Thr

485 490 495

Ser Thr Thr Thr Ser Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr

500 505 510

Arg Pro Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys

515 520 525

Glu Ala Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys

530 535 540

Gly Ser Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys

545 550 555 560

Asp Val Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln

565 570 575

Tyr Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp

580 585 590

His Ile Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala

595 600 605

Ser Val Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser

610 615 620

Ser Gln Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Ser Leu Pro Asn Gly Asn

625 630 635 640

Leu Ser Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr

645 650 655

Leu Tyr Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys
660 665 670
Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Asp Ile Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys
675 680 685
Thr Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys
690 695 700
Thr Glu Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys
705 710 715 720

Val Phe Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu
725 730 735
Arg Lys Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser
740 745 750
Arg Ser Arg Asn Thr Thr Ala Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Pro
755 760 765
Glu Glu Leu Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn
770 775 780
Lys Glu Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg

785 790 795 800
Ile Asp Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser
805 810 815
Ala Ser Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp
820 825 830
Asp Ile Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile
835 840 845
Phe Leu Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met
850 855 860

Tyr Glu Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val
865 870 875 880
Ser Arg Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu
885 890 895
Asn Pro Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly
900 905 910

Asn Gly Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Gln Ala Lys Thr
915 920 925
Gly Tyr Glu Asn Phe Ile His Ser Gly Gly Gly Gly Ser Val Pro Arg

930 935 940
Asp Cys Gly Cys Lys Pro Cys Ile Cys Thr Val Pro Glu Val Ser Ser
945 950 955 960
Val Phe Ile Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Val Leu Thr Ile Thr Leu
965 970 975
Thr Pro Lys Val Thr Cys Val Val Val Asp Ile Ser Lys Asp Asp Pro
980 985 990
Glu Val Gln Phe Ser Trp Phe Val Asp Asp Val Glu Val His Thr Ala
995 1000 1005

Gln Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Ile Asn Ser Thr Phe Arg Ser Val
1010 1015 1020
Ser Glu Leu Pro Ile Met His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Phe
1025 1030 1035 1040
Lys Cys Arg Val Asn Ser Ala Ala Phe Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr
1045 1050 1055
Ile Ser Lys Thr Lys Gly Arg Pro Lys Ala Pro Gln Val Tyr Thr Ile
1060 1065 1070
Pro Pro Pro Lys Glu Gln Met Ala Lys Asp Lys Val Ser Leu Thr Cys

1075 1080 1085
Met Ile Thr Asn Phe Phe Pro Glu Asp Ile Thr Val Glu Trp Gln Trp
1090 1095 1100
Asn Gly Gln Pro Ala Glu Asn Tyr Lys Asn Thr Gln Pro Ile Met Asp
1105 1110 1115 1120
Thr Asp Gly Ser Tyr Phe Val Tyr Ser Lys Leu Asn Val Gln Lys Ser
1125 1130 1135
Asn Trp Glu Ala Gly Asn Thr Phe Thr Cys Ser Val Leu His Glu Gly
1140 1145 1150

Leu His Asn His His Thr Glu Lys Ser Leu Ser His Ser Pro Gly Lys

1155 1160 1165

Ser Gly His His His His His His

1170 1175

<210> 1992

<211> 4101

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> murine IGF-R1 construct

<400> 1992

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgat 60

tacaaggacg acgatgacaa ggaaatctgt gggcccggca ttgacatccg caacgactat 120

cagcagctga agcgcctgga aaactgcacg gtgatcgagg gcttcctcca catcctgctc 180

atctccaagg ccgaggacta ccgaagctac cgcttcccca agctcaccgt catcactgag 240

tacttgctgc tcttccgagt cgctggcctc gagagcctgg gagacctctt ccccaacctc 300

acagtcatcc gtggctggaa actcttctac aactacgcac tggtcatctt cgagatgacc 360

aatctcaagg atattgggct ttataatctg aggaacatta ctcgggggggc catcaggatt 420

gagaagaacg ccgacctctg ttacctctcc accatagact ggtctctcat cttggatgcg 480

gtgtccaata actacattgt ggggaacaag cccccgaagg aatgtgggga cctgtgtcca 540

gggacattgg aggagaagcc catgtgtgag aagaccacca tcaacaatga gtacaactac 600

cgctgctgga ccacaaatcg ctgccagaaa atgtgcccaa gtgtgtgcgg gaagcgagcc 660

tgcaccgaga acaacgagtg ctgccacccg gagtgcctgg gcagctgcca cacaccggac 720

gacaacacaa cctgcgtggc ctgcagacac tactactaca aaggcgtgtg tgtgcctgcc 780

tgcccgcctg gcacctacag gttcgagggc tggcgctgtg tggatcgcga tttctgcgcc 840

aacatcccca acgctgagag cagtgactcg gatggcttcg ttatccacga cgatgagtgc 900

atgcaggagt gtccctcagg cttcatccgc aacagcaccc agagcatgta ctgtatcccc 960

tgcgaaggcc cctgccccaa agtctgcggc gatgaagaga agaaaacgaa aaccatcgat 1020

tcggtgactt ctgctcaaat gctccaagga tgcaccatcc tgaagggcaa tctgcttatt 1080

aacatccgga gaggcaataa cattgcctcg gagttggaga acttcatggg gctcatcgag 1140

gtggtgaccg gctacgtgaa gatccgccat tctcatgcct tggtctcctt gtccttcctg 1200

aagaaccttc gtctcatctt aggagaggag cagctggaag ggaactactc cttctatgtc 1260

ctagacaacc agaacttgca gcagctgtgg gactggaacc accggaacct gaccgtcagg 1320

tccggaaaga tgtactttgc tttcaatccc aagctgtgtg tctccgaaat ttaccgcatg 1380

gaggaagtga ccggaaccaa gggacgccag agcaaagggg acataaacac caggaacaac 1440

ggagagcgag cttcctgtga aagtgatgtt ctccgtttca cctccaccac gacctggaag 1500
aaccgaatca tcataacgtg gcaccggtac cggccgccgg actaccggga tctcatcagc 1560
ttcacagttt actacaagga ggcaccattt aaaaacgtta cggaatatga cgggcaggat 1620
gcctgtggct ccaacagctg gaacatggtg gatgtagacc tgcctccgaa caaggagggc 1680
gagcctggca ttttactgca tgggctgaag ccctggaccc agtatgctgt ctatgtcaag 1740
gctgtgaccc tcaccatggt ggaaaacgac catatccgtg gggccaaaag tgaaatcttg 1800
tacattcgca ccaatgcttc agtcccttcc attcccctag atgtcctctc agcatcaaac 1860

tcttcctctc agctgattgt gaagtggaat cctccaactc tgcccaatgg taacttgagt 1920
tactacattg tgaggtggca gcggcagccc caggatggtt acctgtaccg gcacaactac 1980
tgctccaaag acaaaatacc catcagaaag tacgccgatg gtaccatcga cgtggaggag 2040
gtgacggaaa atcccaagac agaagtgtgt ggtggtgata aagggccatg ctgcgcttgc 2100
cctaaaactg aagctgagaa gcaggctgag aaggaggagg ctgagtaccg taaagtcttt 2160
gagaatttcc ttcacaattc catctttgtg cccaggcccg aaaggaggcg gagagacgtc 2220
atgcaagtgg ccaacacgac catgtccagc cgaagcagga acaccacggt agctgacacc 2280

tacaatatca cagacccgga ggagttcgag acagagtacc ctttctttga gagcagagtg 2340
gataacaagg agaggactgt catctccaac ctccggcctt tcactctgta ccgcatcgat 2400
atccacagct gcaaccacga ggctgagaag ctgggctgca gcgcctccaa cttcgtcttt 2460
gcgagaacca tgccagcaga aggagcagat gatatccctg gtccggtgac ctgggagcca 2520
agacccgaaa actccatctt tttaaagtgg ccagaacccg agaaccccaa cggattgatc 2580
ctaatgtatg aaattaaata cgggtcgcaa gtcgaggatc agcgggaatg tgtgtccaga 2640
caggagtaca ggaagtacgg aggggccaaa ctcaaccgtc taaacccagg gaactataca 2700

gcccggattc aggctacctc cctctctggg aatgggtcat ggacagatcc tgtgttcttc 2760
tatgtccccg ccaaaacgac gtatgagaac ttcatgcatc tgatcattgc tctgccggtt 2820
gccatcctgc tgatcgttgg ggggctggtt atcatgctgt atgtcttcca tagaaagaga 2880
aataacagca ggttgggcaa tggagtgctg tatgcttctg tgaaccccga gtatttcagc 2940
gcagctgatg tgtacgtgcc tgatgaatgg gaggtagctc gagagaagat caccatgaac 3000
cgggagctcg gacaagggtc ctttgggatg gtctatgaag gagtggccaa gggtgtggtc 3060
aaggatgaac ccgaaaccag agtggccatc aagacggtaa acgaggctgc aagtatgcgt 3120

gaaagaatcg agtttctcaa cgaggcctcg gtgatgaagg agttcaattg tcaccatgtg 3180

gtccggttgc tgggtgtggt atcccaaggc cagcccaccc tggtcatcat ggaactaatg 3240

acacgcggtg atctcaaaag ttatctccgg tctctgaggc cagaagtgga gcagaataat 3300

ctagtcctca ttcctccgag cttaagcaag atgatccaga tggctggaga gattgcagat 3360

ggcatggcct acctcaatgc caacaagttc gtccacagag accttgctgc taggaactgc 3420

atggtagccg aagatttcac agtcaaaatt ggagatttcg gtatgacacg agacatctac 3480

gagacggact actaccggaa aggcgggaag gggttgctgc ctgtgcgctg gatgtctccc 3540

gagtccctca aggatggtgt cttcactact cattctgatg tctggtcctt cggggtcgtc 3600

ctctgggaga tcgccacgct ggctgagcag ccctaccagg gcttgtccaa cgagcaagtt 3660

cttcgtttcg tcatggaggg tggccttctg gacaagccgg acaactgccc tgatatgctg 3720

tttgaactta tgcgcatgtg ctggcagtat aaccccaaga tgcggccctc cttcctggag 3780

atcatcggca gcatcaagga tgagatggag cccagcttcc aggaggtctc cttctactac 3840

agcgaggaga acaagcctcc cgagccagag gagctggaga tggagcctga gaacatggag 3900

agcgtcccac tggacccttc ggcctcctca gcctccctgc ctctgcctga aagacactca 3960

ggacacaagg ctgagaatgg cccgggccct ggcgtgctcg ttctccgcgc cagttttgat 4020

gagagacagc cttacgctca catgaacggg ggacgcgcca acgagagggc cttgcctctg 4080

ccccagtcct cgacctgctg a 4101

<210> 1993

<211> 1366

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> murine IGF-R1 construct

<400> 1993

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Glu Ile Cys Gly Pro

20 25 30

Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg Leu Glu Asn

35 40 45

Cys Thr Val Ile Glu Gly Phe Leu His Ile Leu Leu Ile Ser Lys Ala

50 55 60

Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val Ile Thr Glu

65 70 75 80

Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu Gly Asp Leu

85 90 95

Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe Tyr Asn Tyr

100 105 110

Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile Gly Leu Tyr

115 120 125

Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu Lys Asn Ala

130 135 140

Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Ile Asp Trp Ser Leu Ile Leu Asp Ala

145 150 155 160

Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys Glu Cys Gly

165 170 175

Asp Leu Cys Pro Gly Thr Leu Glu Glu Lys Pro Met Cys Glu Lys Thr

180 185 190

Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr Asn Arg Cys

195 200 205

Gln Lys Met Cys Pro Ser Val Cys Gly Lys Arg Ala Cys Thr Glu Asn

210 215 220

Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys His Thr Pro Asp

225 230 235 240

Asp Asn Thr Thr Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr Lys Gly Val

245 250 255

Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Gly Thr Tyr Arg Phe Glu Gly Trp Arg

260 265 270

Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Pro Asn Ala Glu Ser Ser

275 280 285

Asp Ser Asp Gly Phe Val Ile His Asp Asp Glu Cys Met Gln Glu Cys

290 295 300

Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Ser Thr Gln Ser Met Tyr Cys Ile Pro

305 310 315 320

Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Gly Asp Glu Glu Lys Lys Thr
325 330 335
Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly Cys Thr
340 345 350
Ile Leu Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn Asn Ile
355 360 365
Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val Thr Gly
370 375 380

Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser Phe Leu
385 390 395 400
Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly Asn Tyr
405 410 415
Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp Asp Trp
420 425 430
Asn His Arg Asn Leu Thr Val Arg Ser Gly Lys Met Tyr Phe Ala Phe
435 440 445
Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu Val Thr

450 455 460
Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg Asn Asn
465 470 475 480
Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu Arg Phe Thr Ser Thr
485 490 495
Thr Thr Trp Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr Arg Pro
500 505 510
Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys Glu Ala
515 520 525

Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys Gly Ser
530 535 540
Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys Glu Gly
545 550 555 560
Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln Tyr Ala
565 570 575

Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp His Ile
580 585 590
Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala Ser Val

595 600 605
Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser Ser Gln
610 615 620
Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Thr Leu Pro Asn Gly Asn Leu Ser
625 630 635 640
Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr Leu Tyr
645 650 655
Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys Tyr Ala
660 665 670

Asp Gly Thr Ile Asp Val Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys Thr Glu
675 680 685
Val Cys Gly Gly Asp Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys Thr Glu
690 695 700
Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys Val Phe
705 710 715 720
Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu Arg Arg
725 730 735
Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser Arg Ser

740 745 750
Arg Asn Thr Thr Val Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Pro Glu Glu
755 760 765
Phe Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn Lys Glu
770 775 780
Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg Ile Asp
785 790 795 800
Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser Ala Ser
805 810 815

Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp Asp Ile

820 825 830

Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile Phe Leu

835 840 845

Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met Tyr Glu

850 855 860

Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val Ser Arg

865 870 875 880

Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu Asn Pro

885 890 895

Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly Asn Gly

900 905 910

Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Pro Ala Lys Thr Thr Tyr

915 920 925

Glu Asn Phe Met His Leu Ile Ile Ala Leu Pro Val Ala Ile Leu Leu

930 935 940

Ile Val Gly Gly Leu Val Ile Met Leu Tyr Val Phe His Arg Lys Arg

945 950 955 960

Asn Asn Ser Arg Leu Gly Asn Gly Val Leu Tyr Ala Ser Val Asn Pro

965 970 975

Glu Tyr Phe Ser Ala Ala Asp Val Tyr Val Pro Asp Glu Trp Glu Val

980 985 990

Ala Arg Glu Lys Ile Thr Met Asn Arg Glu Leu Gly Gln Gly Ser Phe

995 1000 1005

Gly Met Val Tyr Glu Gly Val Ala Lys Gly Val Val Lys Asp Glu Pro

1010 1015 1020

Glu Thr Arg Val Ala Ile Lys Thr Val Asn Glu Ala Ala Ser Met Arg

1025 1030 1035 1040

Glu Arg Ile Glu Phe Leu Asn Glu Ala Ser Val Met Lys Glu Phe Asn

1045 1050 1055

Cys His His Val Val Arg Leu Leu Gly Val Val Ser Gln Gly Gln Pro

1060 1065 1070

Thr Leu Val Ile Met Glu Leu Met Thr Arg Gly Asp Leu Lys Ser Tyr

1075 1080 1085

Leu Arg Ser Leu Arg Pro Glu Val Glu Gln Asn Asn Leu Val Leu Ile

1090 1095 1100

Pro Pro Ser Leu Ser Lys Met Ile Gln Met Ala Gly Glu Ile Ala Asp

1105 1110 1115 1120

Gly Met Ala Tyr Leu Asn Ala Asn Lys Phe Val His Arg Asp Leu Ala

1125 1130 1135

Ala Arg Asn Cys Met Val Ala Glu Asp Phe Thr Val Lys Ile Gly Asp

1140 1145 1150

Phe Gly Met Thr Arg Asp Ile Tyr Glu Thr Asp Tyr Tyr Arg Lys Gly

1155 1160 1165

Gly Lys Gly Leu Leu Pro Val Arg Trp Met Ser Pro Glu Ser Leu Lys

1170 1175 1180

Asp Gly Val Phe Thr Thr His Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Val

1185 1190 1195 1200

Leu Trp Glu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Gln Pro Tyr Gln Gly Leu Ser

1205 1210 1215

Asn Glu Gln Val Leu Arg Phe Val Met Glu Gly Gly Leu Leu Asp Lys

1220 1225 1230

Pro Asp Asn Cys Pro Asp Met Leu Phe Glu Leu Met Arg Met Cys Trp

1235 1240 1245

Gln Tyr Asn Pro Lys Met Arg Pro Ser Phe Leu Glu Ile Ile Gly Ser

1250 1255 1260

Ile Lys Asp Glu Met Glu Pro Ser Phe Gln Glu Val Ser Phe Tyr Tyr

1265 1270 1275 1280

Ser Glu Glu Asn Lys Pro Pro Glu Pro Glu Glu Leu Glu Met Glu Pro

1285 1290 1295

Glu Asn Met Glu Ser Val Pro Leu Asp Pro Ser Ala Ser Ser Ala Ser

1300 1305 1310

Leu Pro Leu Pro Glu Arg His Ser Gly His Lys Ala Glu Asn Gly Pro

1315 1320 1325

Gly Pro Gly Val Leu Val Leu Arg Ala Ser Phe Asp Glu Arg Gln Pro

1330 1335 1340

Tyr Ala His Met Asn Gly Gly Arg Ala Asn Glu Arg Ala Leu Pro Leu

1345 1350 1355 1360

Pro Gln Ser Ser Thr Cys

1365

<210> 1994

<211> 4095

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> mutated human IGF-R1 antigen

<400> 1994

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgat 60

tacaaggacg acgatgacaa ggaaatctgt gggcccggca ttgacatccg caacgactat 120

cagcagctga agcgcctgga aaactgcacg gtgatcgagg gcttcctcca catcctgctc 180

atctccaagg ccgaggacta ccgaagctac cgcttcccca agctcaccgt catcactgag 240

tacttgctgc tcttccgagt cgctggcctc gagagcctgg gagacctctt ccccaacctc 300

acagtcatcc gtggctggaa actcttctac aactacgcac tggtcatctt cgagatgacc 360

aatctcaagg atattgggct ttataatctg aggaacatta ctcgggggggc catcaggatt 420

gagaagaacg ccgacctctg ttacctctcc accatagact ggtctctcat cttggatgcg 480

gtgtccaata actacattgt ggggaacaag cccccgaagg aatgtgggga cctgtgtcca 540

gggacattgg aggagaagcc catgtgtgag aagaccacca tcaacaatga gtacaactac 600

cgctgctgga ccacaaatcg ctgccagaaa atgtgcccaa gtgtgtgcgg gaagcgagcc 660

tgcaccgaga acaacgagtg ctgccacccg gagtgcctgg gcagctgcca cacaccggac 720

gacaacacaa cctgcgtggc ctgcagacac tactactaca aaggcgtgtg tgtgcctgcc 780

tgcccgcctg gcacctacag gttcgagggc tggcgctgtg tggatcgcga tttctgcgcc 840

aacatcccca acgctgagag cagtgactcg gatggcttcg ttatccacga cgatgagtgc 900

atgcaggagt gtccctcagg cttcatccgc aacagcaccc agagcatgta ctgtatcccc 960

tgcgaaggcc cctgccccaa ggtctgtgag gaagaaaaga aaacaaagac cattgattct 1020

gttacttctg ctcagatgct ccaaggatgc accatcttca agggcaattt gctcattaac 1080

atccgacggg ggaataacat tgcttcagag ctggagaact tcatggggct catcgaggtg 1140

gtgacgggct acgtgaagat ccgccattct catgccttgg tctccttgtc cttcctaaaa 1200

aaccttcgcc tcatcctagg agaggagcag ctagaaggga attactcctt ctacgtcctc 1260

gacaaccaga acttgcagca actgtgggac tgggaccacc gcaacctgac catcaaagca 1320

gggaaaatgt actttgcttt caatcccaaa ttatgtgttt ccgaaattta ccgcatggag 1380

gaagtgacgg ggactaaagg gcgccaaagc aaaggggaca taaacaccag gaacaacggg 1440

gagagagcct cctgtgaaag tgacgtcctg catttcacct ccaccaccac gtcgaagaat 1500

cgcatcatca taacctggca ccggtaccgg ccccctgact acagggatct catcagcttc 1560

accgtttact acaaggaagc acccttttaag aatgtcacag agtatgatgg gcaggatgcc 1620

tgcggctcca acagctggaa catggtggac gtggacctcc cgcccaacaa ggacgtggag 1680

cccggcatct tactacatgg gctgaagccc tggactcagt acgccgttta cgtcaaggct 1740

gtgaccctca ccatggtgga gaacgaccat atccgtgggg ccaagagtga gatcttgtac 1800

attcgcacca atgcttcagt tccttccatt cccttggacg ttctttcagc atcgaactcc 1860

tcttctcagt taatcgtgaa gtggaaccct ccctctctgc ccaacggcaa cctgagttac 1920

tacattgtgc gctggcagcg gcagcctcag gacggctacc tttaccggca caattactgc 1980

tccaaagaca aaatccccat caggaagtat gccgacggca ccatcgacat tgaggaggtc 2040

acagagaacc ccaagactga ggtgtgtggt ggggagaaag ggccttgctg cgcctgcccc 2100

aaaactgaag ccgagaagca ggccgagaag gaggaggctg aataccgcaa agtctttgag 2160

aatttcctgc acaactccat cttcgtgccc agacctgaaa ggaagcggag agatgtcatg 2220

caagtggcca acaccaccat gtccagccga agcaggaaca ccacggccgc agacacctac 2280

aacatcaccg acccggaaga gctggagaca gagtaccctt tctttgagag cagagtggat 2340

aacaaggaga gaactgtcat ttctaacctt cggcctttca cattgtaccg catcgatatc 2400

cacagctgca accacgaggc tgagaagctg ggctgcagcg cctccaactt cgtctttgca 2460

aggactatgc ccgcagaagg agcagatgac attcctgggc cagtgacctg ggagccaagg 2520

cctgaaaact ccatcttttt aaagtggccg gaacctgaga atcccaatgg attgattcta 2580

atgtatgaaa taaaatacgg atcacaagtt gaggatcagc gagaatgtgt gtccagacag 2640

gaatacagga agtatggagg ggccaagcta aaccggctaa acccggggaa ctacacagcc 2700

cggattcagg ccacatctct ctctgggaat gggtcgtgga cagatcctgt gttcttctat 2760

gtccaggcca aaacaggata tgaaaacttc atccatctga tcatcgctct gcccgtcgct 2820

gtcctgttga tcgtgggagg gttggtgatt atgctgtacg tcttccatag aaagagaaat 2880

aacagcaggc tggggaatgg agtgctgtat gcctctgtga acccggagta cttcagcgct 2940

gctgatgtgt acgttcctga tgagtgggag gtggctcggg agaagatcac catgagccgg 3000

gaacttgggc aggggtcgtt tgggatggtc tatgaaggag ttgccaaggg tgtggtgaaa 3060
gatgaacctg aaaccagagt ggccattaaa acagtgaacg aggccgcaag catgcgtgag 3120
aggattgagt ttctcaacga agcttctgtg atgaaggagt tcaattgtca ccatgtggtg 3180
cgattgctgg gtgtggtgtc ccaaggccag ccaacactgg tcatcatgga actgatgaca 3240
cggggcgatc tcaaaagtta tctccggtct ctgaggccag aaatggagaa taatccagtc 3300
ctagcacctc caagcctgag caagatgatt cagatggccg gagagattgc agacggcatg 3360
gcatacctca acgccaataa gttcgtccac agagaccttg ctgcccggaa ttgcatggta 3420

gccgaagatt tcacagtcaa aatcggagat tttggtatga cgcgagatat ctatgagaca 3480
gactattacc ggaaaggagg gaaagggctg ctgcccgtgc gctggatgtc tcctgagtcc 3540
ctcaaggatg gagtcttcac cacttactcg gacgtctggt ccttcggggt cgtcctctgg 3600
gagatcgcca cactggccga gcagccctac cagggcttgt ccaacgagca agtccttcgc 3660
ttcgtcatgg agggcggcct tctggacaag ccagacaact gtcctgacat gctgtttgaa 3720
ctgatgcgca tgtgctggca gtataacccc aagatgaggc cttccttcct ggagatcatc 3780
agcagcatca aagaggagat ggagcctggc ttccgggagg tctccttcta ctacagcgag 3840

gagaacaagc tgcccgagcc ggaggagctg gacctggagc cagagaacat ggagagcgtc 3900
cccctggacc cctcggcctc ctcgtcctcc ctgccactgc ccgacagaca ctcaggacac 3960
aaggccgaga acggccccgg ccctggggtg ctggtcctcc gcgccagctt cgacgagaga 4020
cagccttacg cccacatgaa cgggggccgc aagaacgagc gggccttgcc gctgccccag 4080
tcttcgacct gctga 4095

<210> 1995
<211> 1366
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> mutated murine IGF-R1 antigen

<400> 1995
Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15
Val His Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Glu Ile Cys Gly Pro
20 25 30
Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg Leu Glu Asn

35 40 45

Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu Leu Ile Ser Lys Ala

50 55 60

Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val Ile Thr Glu

65 70 75 80

Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu Gly Asp Leu

85 90 95

Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe Tyr Asn Tyr

100 105 110

Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile Gly Leu Tyr

115 120 125

Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu Lys Asn Ala

130 135 140

Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser Leu Ile Leu Asp Ala

145 150 155 160

Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys Glu Cys Gly

165 170 175

Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro Met Cys Glu Lys Thr

180 185 190

Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr Asn Arg Cys

195 200 205

Gln Lys Met Cys Pro Ser Thr Cys Gly Lys Arg Ala Cys Thr Glu Asn

210 215 220

Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys Ser Ala Pro Asp

225 230 235 240

Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr Ala Gly Val

245 250 255

Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg Phe Glu Gly Trp Arg

260 265 270

Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu Ser Ala Glu Ser Ser

275 280 285

Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu Cys Met Gln Glu Cys
290 295 300
Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser Met Tyr Cys Ile Pro
305 310 315 320
Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Gly Asp Glu Glu Lys Lys Thr
325 330 335
Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly Cys Thr
340 345 350
Ile Leu Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn Asn Ile

355 360 365
Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val Thr Gly
370 375 380
Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser Phe Leu
385 390 395 400
Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly Asn Tyr
405 410 415
Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp Asp Trp
420 425 430

Asn His Arg Asn Leu Thr Val Arg Ser Gly Lys Met Tyr Phe Ala Phe
435 440 445
Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu Val Thr
450 455 460
Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg Asn Asn
465 470 475 480
Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu Arg Phe Thr Ser Thr
485 490 495
Thr Thr Trp Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr Arg Pro

500 505 510
Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys Glu Ala
515 520 525
Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys Gly Ser
530 535 540

Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys Glu Gly
545 550 555 560
Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln Tyr Ala
565 570 575

Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp His Ile
580 585 590
Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala Ser Val
595 600 605
Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser Ser Gln
610 615 620
Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Thr Leu Pro Asn Gly Asn Leu Ser
625 630 635 640
Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr Leu Tyr
645 650 655
Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys Tyr Ala
660 665 670
Asp Gly Thr Ile Asp Val Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys Thr Glu
675 680 685
Val Cys Gly Gly Asp Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys Thr Glu
690 695 700
Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys Val Phe
705 710 715 720

Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu Arg Arg
725 730 735
Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser Arg Ser
740 745 750
Arg Asn Thr Thr Val Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Pro Glu Glu
755 760 765
Phe Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn Lys Glu
770 775 780
Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg Ile Asp

785 790 795 800

Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser Ala Ser

805 810 815

Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp Asp Ile

820 825 830

Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile Phe Leu

835 840 845

Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met Tyr Glu

850 855 860

Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val Ser Arg

865 870 875 880

Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu Asn Pro

885 890 895

Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly Asn Gly

900 905 910

Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Pro Ala Lys Thr Thr Tyr

915 920 925

Glu Asn Phe Met His Leu Ile Ile Ala Leu Pro Val Ala Ile Leu Leu

930 935 940

Ile Val Gly Gly Leu Val Ile Met Leu Tyr Val Phe His Arg Lys Arg

945 950 955 960

Asn Asn Ser Arg Leu Gly Asn Gly Val Leu Tyr Ala Ser Val Asn Pro

965 970 975

Glu Tyr Phe Ser Ala Ala Asp Val Tyr Val Pro Asp Glu Trp Glu Val

980 985 990

Ala Arg Glu Lys Ile Thr Met Asn Arg Glu Leu Gly Gln Gly Ser Phe

995 1000 1005

Gly Met Val Tyr Glu Gly Val Ala Lys Gly Val Val Lys Asp Glu Pro

1010 1015 1020

Glu Thr Arg Val Ala Ile Lys Thr Val Asn Glu Ala Ala Ser Met Arg

1025 1030 1035 1040

Glu Arg Ile Glu Phe Leu Asn Glu Ala Ser Val Met Lys Glu Phe Asn

1045 1050 1055

Cys His His Val Val Arg Leu Leu Gly Val Val Ser Gln Gly Gln Pro

1060 1065 1070

Thr Leu Val Ile Met Glu Leu Met Thr Arg Gly Asp Leu Lys Ser Tyr

1075 1080 1085

Leu Arg Ser Leu Arg Pro Glu Val Glu Gln Asn Asn Leu Val Leu Ile

1090 1095 1100

Pro Pro Ser Leu Ser Lys Met Ile Gln Met Ala Gly Glu Ile Ala Asp

1105 1110 1115 1120

Gly Met Ala Tyr Leu Asn Ala Asn Lys Phe Val His Arg Asp Leu Ala

1125 1130 1135

Ala Arg Asn Cys Met Val Ala Glu Asp Phe Thr Val Lys Ile Gly Asp

1140 1145 1150

Phe Gly Met Thr Arg Asp Ile Tyr Glu Thr Asp Tyr Tyr Arg Lys Gly

1155 1160 1165

Gly Lys Gly Leu Leu Pro Val Arg Trp Met Ser Pro Glu Ser Leu Lys

1170 1175 1180

Asp Gly Val Phe Thr Thr His Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Val

1185 1190 1195 1200

Leu Trp Glu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Gln Pro Tyr Gln Gly Leu Ser

1205 1210 1215

Asn Glu Gln Val Leu Arg Phe Val Met Glu Gly Gly Leu Leu Asp Lys

1220 1225 1230

Pro Asp Asn Cys Pro Asp Met Leu Phe Glu Leu Met Arg Met Cys Trp

1235 1240 1245

Gln Tyr Asn Pro Lys Met Arg Pro Ser Phe Leu Glu Ile Ile Gly Ser

1250 1255 1260

Ile Lys Asp Glu Met Glu Pro Ser Phe Gln Glu Val Ser Phe Tyr Tyr

1265 1270 1275 1280

Ser Glu Glu Asn Lys Pro Pro Glu Pro Glu Glu Leu Glu Met Glu Pro

1285 1290 1295

Glu Asn Met Glu Ser Val Pro Leu Asp Pro Ser Ala Ser Ser Ala Ser

1300 1305 1310

Leu Pro Leu Pro Glu Arg His Ser Gly His Lys Ala Glu Asn Gly Pro

1315 1320 1325

Gly Pro Gly Val Leu Val Leu Arg Ala Ser Phe Asp Glu Arg Gln Pro

1330 1335 1340

Tyr Ala His Met Asn Gly Gly Arg Ala Asn Glu Arg Ala Leu Pro Leu

1345 1350 1355 1360

Pro Gln Ser Ser Thr Cys

1365

<210> 1996

<211> 4101

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> mutated murine IGF-R1 antigen

<400> 1996

atgggatgga gctgtatcat cctcttcttg gtagcaacag ctacaggtgt acactccgat 60

tacaaggacg acgatgacaa ggaaatctgc gggccaggca tcgacatccg caacgactat 120

cagcagctga agcgcctgga gaactgcacg gtgatcgagg gctacctcca catcctgctc 180

atctccaagg ccgaggacta ccgcagctac cgcttcccca agctcacggt cattaccgag 240

tacttgctgc tgttccgagt ggctggcctc gagagcctcg gagacctctt ccccaacctc 300

acggtcatcc gcggctggaa actcttctac aactacgccc tggtcatctt cgagatgacc 360

aatctcaagg atattgggct ttacaacctg aggaacatta ctcgggggggc catcaggatt 420

gagaaaaatg ctgacctctg ttacctctcc actgtggact ggtccctgat cctggatgcg 480

gtgtccaata actacattgt ggggaataag cccccaaagg aatgtgggga cctgtgtcca 540

gggaccatgg aggagaagcc gatgtgtgag aagaccacca tcaacaatga gtacaactac 600

cgctgctgga ccacaaaccg ctgccagaaa atgtgcccaa gcacgtgtgg gaagcgggcg 660

tgcaccgaga acaatgagtg ctgccacccc gagtgcctgg gcagctgcag cgcgcctgac 720

aacgacacgg cctgtgtagc ttgccgccac tactactatg ccggtgtctg tgtgcctgcc 780

tgcccgccca acacctacag gtttgagggc tggcgctgtg tggaccgtga cttctgcgcc 840

aacatcctca gcgccgagag cagcgactcc gaggggtttg tgatccacga cggcgagtgc 900

atgcaggagt gcccctcggg cttcatccgc aacggcagcc agagcatgta ctgcatccct 960

tgtgaaggtc cttgcccgaa agtctgcggc gatgaagaga agaaaacgaa aaccatcgat 1020

tcggtgactt ctgctcaaat gctccaagga tgcaccatcc tgaagggcaa tctgcttatt 1080

aacatccgga gaggcaataa cattgcctcg gagttggaga acttcatggg gctcatcgag 1140

gtggtgaccg gctacgtgaa gatccgccat tctcatgcct tggtctcctt gtccttcctg 1200

aagaaccttc gtctcatctt aggagaggag cagctggaag ggaactactc cttctatgtc 1260

ctagacaacc agaacttgca gcagctgtgg gactggaacc accggaacct gaccgtcagg 1320

tccggaaaga tgtactttgc tttcaatccc aagctgtgtg tctccgaaat ttaccgcatg 1380

gaggaagtga ccggaaccaa gggacgccag agcaaagggg acataaacac caggaacaac 1440

ggagagcgag cttcctgtga aagtgatgtt ctccgtttca cctccaccac gacctggaag 1500

aaccgaatca tcataacgtg gcaccggtac cggccgccgg actaccggga tctcatcagc 1560

ttcacagttt actacaagga ggcaccattt aaaaacgtta cggaatatga cgggcaggat 1620

gcctgtggct ccaacagctg gaacatggtg gatgtagacc tgcctccgaa caaggagggc 1680

gagcctggca ttttactgca tgggctgaag ccctggaccc agtatgctgt ctatgtcaag 1740

gctgtgaccc tcaccatggt ggaaaacgac catatccgtg gggccaaaag tgaaatcttg 1800

tacattcgca ccaatgcttc agtcccttcc attcccctag atgtcctctc agcatcaaac 1860

tcttcctctc agctgattgt gaagtggaat cctccaactc tgcccaatgg taacttgagt 1920

tactacattg tgaggtggca gcggcagccc caggatggtt acctgtaccg gcacaactac 1980

tgctccaaag acaaaatacc catcagaaag tacgccgatg gtaccatcga cgtggaggag 2040

gtgacggaaa atcccaagac agaagtgtgt ggtggtgata aagggccatg ctgcgcttgc 2100

cctaaaactg aagctgagaa gcaggctgag aaggaggagg ctgagtaccg taaagtcttt 2160

gagaatttcc ttcacaattc catctttgtg cccaggcccg aaaggaggcg gagagacgtc 2220

atgcaagtgg ccaacacgac catgtccagc cgaagcagga acaccacggt agctgacacc 2280

tacaatatca cagacccgga ggagttcgag acagagtacc ctttctttga gagcagagtg 2340

gataacaagg agaggactgt catctccaac ctccggcctt tcactctgta ccgcatcgat 2400

atccacagct gcaaccacga ggctgagaag ctgggctgca gcgcctccaa cttcgtcttt 2460

gcgagaacca tgccagcaga aggagcagat gatatccctg gtccggtgac ctgggagcca 2520

agacccgaaa actccatctt tttaaagtgg ccagaacccg agaaccccaa cggattgatc 2580

ctaatgtatg aaattaaata cgggtcgcaa gtcgaggatc agcgggaatg tgtgtccaga 2640

caggagtaca ggaagtacgg aggggccaaa ctcaaccgtc taaacccagg gaactataca 2700

gcccggattc aggctacctc cctctctggg aatgggtcat ggacagatcc tgtgttcttc 2760

tatgtccccg ccaaaacgac gtatgagaac ttcatgcatc tgatcattgc tctgccggtt 2820

gccatcctgc tgatcgttgg ggggctggtt atcatgctgt atgtcttcca tagaaagaga 2880
aataacagca ggttgggcaa tggagtgctg tatgcttctg tgaaccccga gtatttcagc 2940
gcagctgatg tgtacgtgcc tgatgaatgg gaggtagctc gagagaagat caccatgaac 3000
cgggagctcg gacaagggtc ctttgggatg gtctatgaag gagtggccaa gggtgtggtc 3060
aaggatgaac ccgaaaccag agtggccatc aagacggtaa acgaggctgc aagtatgcgt 3120
gaaagaatcg agtttctcaa cgaggcctcg gtgatgaagg agttcaattg tcaccatgtg 3180
gtccggttgc tgggtgtggt atcccaaggc cagcccaccc tggtcatcat ggaactaatg 3240

acacgcggtg atctcaaaag ttatctccgg tctctgaggc cagaagtgga gcagaataat 3300
ctagtcctca ttcctccgag cttaagcaag atgatccaga tggctggaga gattgcagat 3360
ggcatggcct acctcaatgc caacaagttc gtccacagag accttgctgc taggaactgc 3420
atggtagccg aagatttcac agtcaaaatt ggagatttcg gtatgacacg agacatctac 3480
gagacggact actaccggaa aggcgggaag gggttgctgc ctgtgcgctg gatgtctccc 3540
gagtccctca aggatggtgt cttcactact cattctgatg tctggtcctt cggggtcgtc 3600
ctctgggaga tcgccacgct ggctgagcag ccctaccagg gcttgtccaa cgagcaagtt 3660

cttcgtttcg tcatggaggg tggccttctg gacaagccgg acaactgccc tgatatgctg 3720
tttgaactta tgcgcatgtg ctggcagtat aaccccaaga tgcggccctc cttcctggag 3780
atcatcggca gcatcaagga tgagatggag cccagcttcc aggaggtctc cttctactac 3840
agcgaggaga acaagcctcc cgagccagag gagctggaga tggagcctga gaacatggag 3900
agcgtcccac tggacccttc ggcctcctca gcctccctgc ctctgcctga aagacactca 3960
ggacacaagg ctgagaatgg cccgggccct ggcgtgctcg ttctccgcgc cagttttgat 4020
gagagacagc cttacgctca catgaacggg ggacgcgcca acgagagggc cttgcctctg 4080

ccccagtcct cgacctgctg a 4101

<210> 1997

<211> 1366

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> mutated murine IGF-R1 antigen

<400> 1997

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
1 5 10 15

Val His Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys Glu Ile Cys Gly Pro
20 25 30
Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg Leu Glu Asn

35 40 45
Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu Leu Ile Ser Lys Ala
50 55 60
Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val Ile Thr Glu
65 70 75 80
Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu Gly Asp Leu
85 90 95
Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe Tyr Asn Tyr
100 105 110

Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile Gly Leu Tyr
115 120 125
Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu Lys Asn Ala
130 135 140
Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser Leu Ile Leu Asp Ala
145 150 155 160
Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys Glu Cys Gly
165 170 175
Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro Met Cys Glu Lys Thr

180 185 190
Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr Asn Arg Cys
195 200 205
Gln Lys Met Cys Pro Ser Thr Cys Gly Lys Arg Ala Cys Thr Glu Asn
210 215 220
Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys Ser Ala Pro Asp
225 230 235 240
Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr Ala Gly Val
245 250 255

Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg Phe Glu Gly Trp Arg

260 265 270

Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu Ser Ala Glu Ser Ser

275 280 285

Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu Cys Met Gln Glu Cys

290 295 300

Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser Met Tyr Cys Ile Pro

305 310 315 320

Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Gly Asp Glu Glu Lys Lys Thr

325 330 335

Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly Cys Thr

340 345 350

Ile Leu Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn Asn Ile

355 360 365

Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val Thr Gly

370 375 380

Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser Phe Leu

385 390 395 400

Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly Asn Tyr

405 410 415

Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp Asp Trp

420 425 430

Asn His Arg Asn Leu Thr Val Arg Ser Gly Lys Met Tyr Phe Ala Phe

435 440 445

Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu Val Thr

450 455 460

Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg Asn Asn

465 470 475 480

Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu Arg Phe Thr Ser Thr

485 490 495

Thr Thr Trp Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr Arg Pro

500 505 510

Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys Glu Ala

515 520 525

Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys Gly Ser

530 535 540

Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys Glu Gly

545 550 555 560

Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln Tyr Ala

565 570 575

Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp His Ile

580 585 590

Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala Ser Val

595 600 605

Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser Ser Gln

610 615 620

Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Thr Leu Pro Asn Gly Asn Leu Ser

625 630 635 640

Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr Leu Tyr

645 650 655

Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys Tyr Ala

660 665 670

Asp Gly Thr Ile Asp Val Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys Thr Glu

675 680 685

Val Cys Gly Gly Asp Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys Thr Glu

690 695 700

Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys Val Phe

705 710 715 720

Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu Arg Arg

725 730 735

Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser Arg Ser

740 745 750

Arg Asn Thr Thr Val Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Pro Glu Glu

755 760 765

Phe Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn Lys Glu
770 775 780
Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg Ile Asp
785 790 795 800
Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser Ala Ser
805 810 815
Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp Asp Ile
820 825 830

Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile Phe Leu
835 840 845
Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met Tyr Glu
850 855 860
Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val Ser Arg
865 870 875 880
Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu Asn Pro
885 890 895
Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly Asn Gly

900 905 910
Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Pro Ala Lys Thr Thr Tyr
915 920 925
Glu Asn Phe Met His Leu Ile Ile Ala Leu Pro Val Ala Ile Leu Leu
930 935 940
Ile Val Gly Gly Leu Val Ile Met Leu Tyr Val Phe His Arg Lys Arg
945 950 955 960
Asn Asn Ser Arg Leu Gly Asn Gly Val Leu Tyr Ala Ser Val Asn Pro
965 970 975

Glu Tyr Phe Ser Ala Ala Asp Val Tyr Val Pro Asp Glu Trp Glu Val
980 985 990
Ala Arg Glu Lys Ile Thr Met Asn Arg Glu Leu Gly Gln Gly Ser Phe
995 1000 1005
Gly Met Val Tyr Glu Gly Val Ala Lys Gly Val Val Lys Asp Glu Pro
1010 1015 1020

Glu Thr Arg Val Ala Ile Lys Thr Val Asn Glu Ala Ala Ser Met Arg
1025 1030 1035 1040
Glu Arg Ile Glu Phe Leu Asn Glu Ala Ser Val Met Lys Glu Phe Asn

1045 1050 1055
Cys His His Val Val Arg Leu Leu Gly Val Val Ser Gln Gly Gln Pro
1060 1065 1070
Thr Leu Val Ile Met Glu Leu Met Thr Arg Gly Asp Leu Lys Ser Tyr
1075 1080 1085
Leu Arg Ser Leu Arg Pro Glu Val Glu Gln Asn Asn Leu Val Leu Ile
1090 1095 1100
Pro Pro Ser Leu Ser Lys Met Ile Gln Met Ala Gly Glu Ile Ala Asp
1105 1110 1115 1120

Gly Met Ala Tyr Leu Asn Ala Asn Lys Phe Val His Arg Asp Leu Ala
1125 1130 1135
Ala Arg Asn Cys Met Val Ala Glu Asp Phe Thr Val Lys Ile Gly Asp
1140 1145 1150
Phe Gly Met Thr Arg Asp Ile Tyr Glu Thr Asp Tyr Tyr Arg Lys Gly
1155 1160 1165
Gly Lys Gly Leu Leu Pro Val Arg Trp Met Ser Pro Glu Ser Leu Lys
1170 1175 1180
Asp Gly Val Phe Thr Thr His Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Val

1185 1190 1195 1200
Leu Trp Glu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Gln Pro Tyr Gln Gly Leu Ser
1205 1210 1215
Asn Glu Gln Val Leu Arg Phe Val Met Glu Gly Gly Leu Leu Asp Lys
1220 1225 1230
Pro Asp Asn Cys Pro Asp Met Leu Phe Glu Leu Met Arg Met Cys Trp
1235 1240 1245
Gln Tyr Asn Pro Lys Met Arg Pro Ser Phe Leu Glu Ile Ile Gly Ser
1250 1255 1260

Ile Lys Asp Glu Met Glu Pro Ser Phe Gln Glu Val Ser Phe Tyr Tyr

1265 1270 1275 1280

Ser Glu Glu Asn Lys Pro Pro Glu Pro Glu Glu Leu Glu Met Glu Pro

1285 1290 1295

Glu Asn Met Glu Ser Val Pro Leu Asp Pro Ser Ala Ser Ser Ala Ser

1300 1305 1310

Leu Pro Leu Pro Glu Arg His Ser Gly His Lys Ala Glu Asn Gly Pro

1315 1320 1325

Gly Pro Gly Val Leu Val Leu Arg Ala Ser Phe Asp Glu Arg Gln Pro

1330 1335 1340

Tyr Ala His Met Asn Gly Gly Arg Ala Asn Glu Arg Ala Leu Pro Leu

1345 1350 1355 1360

Pro Gln Ser Ser Thr Cys

1365

<210> 1998

<211> 4104

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> macaque IGF-R1

<400> 1998

atgaagtctg gctctggaga agggtccccg acctcgctgt gggggctcct gtttctctcc 60

gccgcgctct cgctctggcc gacgagtgga gaaatctgtg ggccgggcat cgacatccgc 120

aacgactatc agcagctgaa gcgcctggag aactgcacgg tgatcgaggg ctacctccac 180

atcctgctca tctccaaggc cgaggactac cgcagctacc gcttccccaa gctcacggtc 240

atcaccgagt acttgctgtt gttccgagtg gctggcctag agagcctcgg agacctgttc 300

cccaacctca cggtaatccg cggctggaaa ctcttctaca actacgccct ggtcatcttt 360

gagatgacca atctcaagga tattgggctt tacaacctga ggaacattac tcgggggcc 420

atcaggattg agaaaaatgc tgacctctgt tacctctcca ctgtggactg gtccctgatc 480

ctggatgcag tgtccaataa ctacattgtg gggaataagc ccccaaagga atgcggggac 540

ctgtgtccgg ggaccatgga ggagaagccg atgtgcgaga agaccaccat caacaatgag 600

tacaactacc gctgctggac cacaaaccgc tgccagaaaa tgtgcccgag tgcctgtggg 660

aagagggcat gcaccgagaa caacgagtgc tgccaccccg agtgcctggg cagctgcagc 720

gcgcctgaca acgacacggc ctgtgtagct tgccgccact actactacgc cggtgtctgc 780

gtgcctgcct gcccgcccaa cacctacagg tttgagggct ggcgctgtgt ggaccgtgac 840

ttctgcgcca acatcctcag cgccgagagc agcgactccg agggtttcgt gatccacgac 900

ggcgagtgca tgcaggagtg cccctcaggc ttcatccgca acggcagcca gagcatgtac 960

tgcatccctt gtgaaggtcc ttgccccaag gtctgtgagg aagaaaagaa aacaaagacc 1020

attgattctg ttacttctgc tcagatgctc caaggatgca ccatcttcaa gggcaatttg 1080

ctcattaaca tccgacgggg gaataacatt gcttcagaac tggagaactt catggggctc 1140

atcgaggtgg tgacgggcta cgtgaagatc cgccattccc atgccttggt ctccttgtcc 1200

ttcctaaaaa accttcgcct catcttagga gaggagcagc tagaagggaa ttactccttc 1260

tacgtcctcg acaaccagaa cttgcagcaa ctatgggact gggaccaccg caacctgacc 1320

atcaaagcag ggaaaatgta ctttgctttc aatcccaaat tgtgtgtttc ggaaatttac 1380

cgcatggagg aagtgacggg gactaaaggg cgccaaagca aaggggacat aaacaccagg 1440

aacaacgggg aaagagcctc ctgtgaaagt gacgtcctgc atttcacctc caccaccacg 1500

tggaagaatc gcatcatcat aacctggcac cggtaccggc cccctgacta cagggatctc 1560

atcagcttca ccgtttacta caaggaagca ccttttaaga atgtcacgga gtatgatggg 1620

caggatgcct gcggctccaa cagctggaac atggtggatg tggacctccc gcccaacaag 1680

gacgtggagc ccggcatctt actgcatggg ctgaagccct ggactcagta cgccgtttac 1740

gtcaaggctg tgaccctcac catggtggag aacgaccata tccgtggggc caagagtgag 1800

atcttgtaca ttcgcaccaa tgcttcagtt ccttccattc ccttggacgt tctttcagca 1860

tcgaactcct cttctcagtt aatcgtgaag tggaaccctc cctctctgcc caacggcaac 1920

ctgagttact acattgtgcg ctggcagcgg cagcctcagg acggctacct ttaccggcac 1980

aattactgct ccaaagacaa aatccccatc aggaagtatg ccgacggcac cattgacatt 2040

gaggaggtca cagagaaccc gaagactgag gtgtgtggtg gagagaaagg gccttgctgc 2100

gcctgcccca aaactgaagc tgagaagcag gccgagaagg aggaggctga gtaccgcaaa 2160

gtctttgaga atttcctgca caactccatc tttgtgccca gacctgaaag gaagcggaga 2220

gatgtcatgc aagtggccaa caccaccatg tccagccgaa gcaggaacac cacggtggca 2280

gacacctaca acatcacaga tctggaagag ctagagacag agtacccttt ctttgagagc 2340

agagtggata ataaggagag aactgtcatt tctaaccttc ggcctttcac attgtaccgc 2400

attgatatcc acagctgcaa ccacgaggct gagaaactgg gctgcagcgc ctccaacttt 2460

gtctttgcaa ggactatgcc tgcagaagga gcagatgaca ttcctgggcc agtgacctgg 2520

gagccaaggc ctgaaaactc catcttttta aagtggccag aacctgagaa tcccaatgga 2580

ttgattctaa tgtatgaaat aaaatacgga tcacaagttg aggatcagcg agaatgtgtg 2640

tccagacagg aatacaggaa gtatggaggg gccaagctaa accggctaaa cccagggaac 2700
tacacagccc ggattcaggc tacatctctc tctgggaatg ggtcgtggac agatcctgtg 2760
ttcttctatg tccaggccaa aacaggatat gaaaacttca tccatctgat catcgctctg 2820
cccgtcgctg tcctgttgat cgtgggaggg ttggtgatca tgctgtacgt cttccataga 2880
aagagaaata acagcaggct ggggaatgga gtgctgtacg cgtctgtgaa cccggagtac 2940
ttcagcgctg cggatgtgta cgttcctgat gagtgggagg tggctcggga gaagatcacc 3000
atgagccggg aacttgggca ggggtcgttt gggatggtct atgaaggagt tgccaagggt 3060

gtggtgaaag acgaacctga aaccagagtg gccattaaaa cagtgaacga ggccgcgagc 3120
atgcgtgaaa ggatcgagtt tctcaacgag gcttctgtga tgaaggagtt caattgtcac 3180
catgtggtgc ggttgctggg tgtggtgtcc cagggccagc caacgctggt catcatggaa 3240
ctgatgacgc ggggcgatct caaaagttat ctccggtctc tgaggccaga aatggagaat 3300
aatccagtcc tagcacctcc aagcctaagc aagatgattc agatggctgg agagattgca 3360
gacggcatgg catacctcaa cgccaacaag ttcgtccaca gagaccttgc tgcccggaat 3420
tgcatggtag ccgaggattt cacagtcaaa attggagatt ttgggatgac gcgagatatc 3480

tatgagacag actattaccg gaaaggaggg aaagggctgt tgcccgtgcg ctggatgtct 3540
cccgagtccc tcaaggatgg agtcttcacc acttactcgg acgtctggtc cttcggggtt 3600
gtcctctggg agatcgccac actggccgag cagccctacc agggcttgtc caacgagcaa 3660
gtccttcgct tcgtcatgga gggcggcctt ctggacaagc cagacaactg ccccgacatg 3720
ctgtttgaat tgatgcgcat gtgctggcag tacaacccca agatgaggcc ttccttcctg 3780
gagatcatca gcagcatcaa agacgagatg gagcctggct tccgggaggt ctccttctac 3840
tacagtgagg agaacaagct gcccgagccg gaggagctgg acctggagcc agagaacatg 3900

gagagcgtcc ccctggaccc ctcggcctcc tcgtcctccc tgccactgcc cgacagacac 3960
tcaggacaca aggccgagaa cggccccggc cctggagtgc tggtgctccg cgccagcttc 4020
gatgagagac agccttacgc acacatgaac ggtggccgca agaacgagcg ggccttgccg 4080
ctgccccagt cttcgacctg ctga 4104

<210> 1999

<211> 1367

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> macaque IGF-R1

<400> 1999

Met Lys Ser Gly Ser Gly Glu Gly Ser Pro Thr Ser Leu Trp Gly Leu
1 5 10 15

Leu Phe Leu Ser Ala Ala Leu Ser Leu Trp Pro Thr Ser Gly Glu Ile
20 25 30

Cys Gly Pro Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg
35 40 45

Leu Glu Asn Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu Leu Ile
50 55 60

Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val
65 70 75 80

Ile Thr Glu Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu
85 90 95

Gly Asp Leu Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe
100 105 110

Tyr Asn Tyr Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile
115 120 125

Gly Leu Tyr Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu
130 135 140

Lys Asn Ala Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser Leu Ile
145 150 155 160

Leu Asp Ala Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys
165 170 175

Glu Cys Gly Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro Met Cys
180 185 190

Glu Lys Thr Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr
195 200 205

Asn Arg Cys Gln Lys Met Cys Pro Ser Ala Cys Gly Lys Arg Ala Cys
210 215 220

Thr Glu Asn Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys Ser

225 230 235 240

Ala Pro Asp Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr
245 250 255
Ala Gly Val Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg Phe Glu
260 265 270
Gly Trp Arg Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu Ser Ala
275 280 285
Glu Ser Ser Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu Cys Met
290 295 300

Gln Glu Cys Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser Met Tyr
305 310 315 320
Cys Ile Pro Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Glu Glu Glu Lys
325 330 335
Lys Thr Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly
340 345 350
Cys Thr Ile Phe Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn
355 360 365
Asn Ile Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val

370 375 380
Thr Gly Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser
385 390 395 400
Phe Leu Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly
405 410 415
Asn Tyr Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp
420 425 430
Asp Trp Asp His Arg Asn Leu Thr Ile Lys Ala Gly Lys Met Tyr Phe
435 440 445

Ala Phe Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu
450 455 460
Val Thr Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg
465 470 475 480
Asn Asn Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu His Phe Thr
485 490 495

Ser Thr Thr Thr Trp Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr
500 505 510
Arg Pro Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys

515 520 525
Glu Ala Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys
530 535 540
Gly Ser Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys
545 550 555 560
Asp Val Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln
565 570 575
Tyr Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp
580 585 590

His Ile Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala
595 600 605
Ser Val Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser
610 615 620
Ser Gln Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Ser Leu Pro Asn Gly Asn
625 630 635 640
Leu Ser Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr
645 650 655
Leu Tyr Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys

660 665 670
Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Asp Ile Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys
675 680 685
Thr Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys
690 695 700
Thr Glu Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys
705 710 715 720
Val Phe Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu
725 730 735

Arg Lys Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser

740 745 750

Arg Ser Arg Asn Thr Thr Val Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Leu

755 760 765

Glu Glu Leu Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn

770 775 780

Lys Glu Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg

785 790 795 800

Ile Asp Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser

805 810 815

Ala Ser Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp

820 825 830

Asp Ile Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile

835 840 845

Phe Leu Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met

850 855 860

Tyr Glu Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val

865 870 875 880

Ser Arg Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu

885 890 895

Asn Pro Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly

900 905 910

Asn Gly Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Gln Ala Lys Thr

915 920 925

Gly Tyr Glu Asn Phe Ile His Leu Ile Ile Ala Leu Pro Val Ala Val

930 935 940

Leu Leu Ile Val Gly Gly Leu Val Ile Met Leu Tyr Val Phe His Arg

945 950 955 960

Lys Arg Asn Asn Ser Arg Leu Gly Asn Gly Val Leu Tyr Ala Ser Val

965 970 975

Asn Pro Glu Tyr Phe Ser Ala Ala Asp Val Tyr Val Pro Asp Glu Trp

980 985 990

Glu Val Ala Arg Glu Lys Ile Thr Met Ser Arg Glu Leu Gly Gln Gly

995 1000 1005

Ser Phe Gly Met Val Tyr Glu Gly Val Ala Lys Gly Val Val Lys Asp

1010 1015 1020

Glu Pro Glu Thr Arg Val Ala Ile Lys Thr Val Asn Glu Ala Ala Ser

1025 1030 1035 1040

Met Arg Glu Arg Ile Glu Phe Leu Asn Glu Ala Ser Val Met Lys Glu

1045 1050 1055

Phe Asn Cys His His Val Val Arg Leu Leu Gly Val Val Ser Gln Gly

1060 1065 1070

Gln Pro Thr Leu Val Ile Met Glu Leu Met Thr Arg Gly Asp Leu Lys

1075 1080 1085

Ser Tyr Leu Arg Ser Leu Arg Pro Glu Met Glu Asn Asn Pro Val Leu

1090 1095 1100

Ala Pro Pro Ser Leu Ser Lys Met Ile Gln Met Ala Gly Glu Ile Ala

1105 1110 1115 1120

Asp Gly Met Ala Tyr Leu Asn Ala Asn Lys Phe Val His Arg Asp Leu

1125 1130 1135

Ala Ala Arg Asn Cys Met Val Ala Glu Asp Phe Thr Val Lys Ile Gly

1140 1145 1150

Asp Phe Gly Met Thr Arg Asp Ile Tyr Glu Thr Asp Tyr Tyr Arg Lys

1155 1160 1165

Gly Gly Lys Gly Leu Leu Pro Val Arg Trp Met Ser Pro Glu Ser Leu

1170 1175 1180

Lys Asp Gly Val Phe Thr Thr Tyr Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val

1185 1190 1195 1200

Val Leu Trp Glu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Gln Pro Tyr Gln Gly Leu

1205 1210 1215

Ser Asn Glu Gln Val Leu Arg Phe Val Met Glu Gly Gly Leu Leu Asp

1220 1225 1230

Lys Pro Asp Asn Cys Pro Asp Met Leu Phe Glu Leu Met Arg Met Cys

1235 1240 1245

Trp Gln Tyr Asn Pro Lys Met Arg Pro Ser Phe Leu Glu Ile Ile Ser
1250 1255 1260

Ser Ile Lys Asp Glu Met Glu Pro Gly Phe Arg Glu Val Ser Phe Tyr
1265 1270 1275 1280

Tyr Ser Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Pro Glu Glu Leu Asp Leu Glu
1285 1290 1295

Pro Glu Asn Met Glu Ser Val Pro Leu Asp Pro Ser Ala Ser Ser Ser
1300 1305 1310

Ser Leu Pro Leu Pro Asp Arg His Ser Gly His Lys Ala Glu Asn Gly
1315 1320 1325

Pro Gly Pro Gly Val Leu Val Leu Arg Ala Ser Phe Asp Glu Arg Gln
1330 1335 1340

Pro Tyr Ala His Met Asn Gly Gly Arg Lys Asn Glu Arg Ala Leu Pro
1345 1350 1355 1360

Leu Pro Gln Ser Ser Thr Cys
1365

<210> 2000

<211> 362

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> human c-MET extracellular four Ig domains

<400> 2000

Pro Ala Ile Tyr Lys Val Phe Pro Asn Ser Ala Pro Leu Glu Gly Gly
1 5 10 15

Thr Arg Leu Thr Ile Cys Gly Trp Asp Phe Gly Phe Arg Arg Asn Asn
20 25 30

Lys Phe Asp Leu Lys Lys Thr Arg Val Leu Leu Gly Asn Glu Ser Cys
35 40 45

Thr Leu Thr Leu Ser Glu Ser Thr Met Asn Thr Leu Lys Cys Thr Val
50 55 60

Gly Pro Ala Met Asn Lys His Phe Asn Met Ser Ile Ile Ile Ser Asn
65 70 75 80

Gly His Gly Thr Thr Gln Tyr Ser Thr Phe Ser Tyr Val Asp Pro Val
85 90 95
Ile Thr Ser Ile Ser Pro Lys Tyr Gly Pro Met Ala Gly Gly Thr Leu
100 105 110
Leu Thr Leu Thr Gly Asn Tyr Leu Asn Ser Gly Asn Ser Arg His Ile
115 120 125
Ser Ile Gly Gly Lys Thr Cys Thr Leu Lys Ser Val Ser Asn Ser Ile

130 135 140
Leu Glu Cys Tyr Thr Pro Ala Gln Thr Ile Ser Thr Glu Phe Ala Val
145 150 155 160
Lys Leu Lys Ile Asp Leu Ala Asn Arg Glu Thr Ser Ile Phe Ser Tyr
165 170 175
Arg Glu Asp Pro Ile Val Tyr Glu Ile His Pro Thr Lys Ser Phe Ile
180 185 190
Ser Gly Gly Ser Thr Ile Thr Gly Val Gly Lys Asn Leu Asn Ser Val
195 200 205

Ser Val Pro Arg Met Val Ile Asn Val His Glu Ala Gly Arg Asn Phe
210 215 220
Thr Val Ala Cys Gln His Arg Ser Asn Ser Glu Ile Ile Cys Cys Thr
225 230 235 240
Thr Pro Ser Leu Gln Gln Leu Asn Leu Gln Leu Pro Leu Lys Thr Lys
245 250 255
Ala Phe Phe Met Leu Asp Gly Ile Leu Ser Lys Tyr Phe Asp Leu Ile
260 265 270
Tyr Val His Asn Pro Val Phe Lys Pro Phe Glu Lys Pro Val Met Ile

275 280 285
Ser Met Gly Asn Glu Asn Val Leu Glu Ile Lys Gly Asn Asp Ile Asp
290 295 300
Pro Glu Ala Val Lys Gly Glu Val Leu Lys Val Gly Asn Lys Ser Cys
305 310 315 320
Glu Asn Ile His Leu His Ser Glu Ala Val Leu Cys Thr Val Pro Asn
325 330 335

Asp Leu Leu Lys Leu Asn Ser Glu Leu Asn Ile Glu Trp Lys Gln Ala
340 345 350

Ile Ser Ser Thr Val Leu Gly Lys Val Ile
355 360

<210> 2001

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human c-MET extracellular cystein-rich domain

<400> 2001

Cys Arg His Phe Gln Ser Cys Ser Gln Cys Leu Ser Ala Pro Pro Phe
1 5 10 15

Val Gln Cys Gly Trp Cys His Asp Lys Cys Val Arg Ser Glu Glu Cys
20 25 30

Leu Ser Gly Thr Trp Thr Gln Gln Ile Cys
35 40

<210> 2002

<211> 212

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human c-MET extracellular beta-chain of a sema domain

<400> 2002

Ser Thr Lys Lys Glu Val Phe Asn Ile Leu Gln Ala Ala Tyr Val Ser
1 5 10 15

Lys Pro Gly Ala Gln Leu Ala Arg Gln Ile Gly Ala Ser Leu Asn Asp
20 25 30

Asp Ile Leu Phe Gly Val Phe Ala Gln Ser Lys Pro Asp Ser Ala Glu
35 40 45

Pro Met Asp Arg Ser Ala Met Cys Ala Phe Pro Ile Lys Tyr Val Asn
50 55 60

Asp Phe Phe Asn Lys Ile Val Asn Lys Asn Asn Val Arg Cys Leu Gln
65 70 75 80

His Phe Tyr Gly Pro Asn His Glu His Cys Phe Asn Arg Thr Leu Leu
85 90 95
Arg Asn Ser Ser Gly Cys Glu Ala Arg Arg Asp Glu Tyr Arg Thr Glu
100 105 110

Phe Thr Thr Ala Leu Gln Arg Val Asp Leu Phe Met Gly Gln Phe Ser
115 120 125
Glu Val Leu Leu Thr Ser Ile Ser Thr Phe Ile Lys Gly Asp Leu Thr
130 135 140
Ile Ala Asn Leu Gly Thr Ser Glu Gly Arg Phe Met Gln Val Val Val
145 150 155 160
Ser Arg Ser Gly Pro Ser Thr Pro His Val Asn Phe Leu Leu Asp Ser
165 170 175
His Pro Val Ser Pro Glu Val Ile Val Glu His Thr Leu Asn Gln Asn

180 185 190
Gly Tyr Thr Leu Val Ile Thr Gly Lys Lys Ile Thr Lys Ile Pro Leu
195 200 205
Asn Gly Leu Gly
210

<210> 2003
<211> 907
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> human c-MET extracellular domain
<400> 2003
Glu Cys Lys Glu Ala Leu Ala Lys Ser Glu Met Asn Val Asn Met Lys
1 5 10 15
Tyr Gln Leu Pro Asn Phe Thr Ala Glu Thr Pro Ile Gln Asn Val Ile

20 25 30
Leu His Glu His His Ile Phe Leu Gly Ala Thr Asn Tyr Ile Tyr Val
35 40 45
Leu Asn Glu Glu Asp Leu Gln Lys Val Ala Glu Tyr Lys Thr Gly Pro
50 55 60

Val Leu Glu His Pro Asp Cys Phe Pro Cys Gln Asp Cys Ser Ser Lys
65 70 75 80
Ala Asn Leu Ser Gly Gly Val Trp Lys Asp Asn Ile Asn Met Ala Leu
85 90 95

Val Val Asp Thr Tyr Tyr Asp Asp Gln Leu Ile Ser Cys Gly Ser Val
100 105 110
Asn Arg Gly Thr Cys Gln Arg His Val Phe Pro His Asn His Thr Ala
115 120 125
Asp Ile Gln Ser Glu Val His Cys Ile Phe Ser Pro Gln Ile Glu Glu
130 135 140
Pro Ser Gln Cys Pro Asp Cys Val Val Ser Ala Leu Gly Ala Lys Val
145 150 155 160
Leu Ser Ser Val Lys Asp Arg Phe Ile Asn Phe Phe Val Gly Asn Thr
165 170 175
Ile Asn Ser Ser Tyr Phe Pro Asp His Pro Leu His Ser Ile Ser Val
180 185 190
Arg Arg Leu Lys Glu Thr Lys Asp Gly Phe Met Phe Leu Thr Asp Gln
195 200 205
Ser Tyr Ile Asp Val Leu Pro Glu Phe Arg Asp Ser Tyr Pro Ile Lys
210 215 220
Tyr Val His Ala Phe Glu Ser Asn Asn Phe Ile Tyr Phe Leu Thr Val
225 230 235 240

Gln Arg Glu Thr Leu Asp Ala Gln Thr Phe His Thr Arg Ile Ile Arg
245 250 255
Phe Cys Ser Ile Asn Ser Gly Leu His Ser Tyr Met Glu Met Pro Leu
260 265 270
Glu Cys Ile Leu Thr Glu Lys Arg Lys Lys Arg Ser Thr Lys Lys Glu
275 280 285
Val Phe Asn Ile Leu Gln Ala Ala Tyr Val Ser Lys Pro Gly Ala Gln
290 295 300
Leu Ala Arg Gln Ile Gly Ala Ser Leu Asn Asp Asp Ile Leu Phe Gly

305 310 315 320

Val Phe Ala Gln Ser Lys Pro Asp Ser Ala Glu Pro Met Asp Arg Ser

325 330 335

Ala Met Cys Ala Phe Pro Ile Lys Tyr Val Asn Asp Phe Phe Asn Lys

340 345 350

Ile Val Asn Lys Asn Asn Val Arg Cys Leu Gln His Phe Tyr Gly Pro

355 360 365

Asn His Glu His Cys Phe Asn Arg Thr Leu Leu Arg Asn Ser Ser Gly

370 375 380

Cys Glu Ala Arg Arg Asp Glu Tyr Arg Thr Glu Phe Thr Thr Ala Leu

385 390 395 400

Gln Arg Val Asp Leu Phe Met Gly Gln Phe Ser Glu Val Leu Leu Thr

405 410 415

Ser Ile Ser Thr Phe Ile Lys Gly Asp Leu Thr Ile Ala Asn Leu Gly

420 425 430

Thr Ser Glu Gly Arg Phe Met Gln Val Val Val Ser Arg Ser Gly Pro

435 440 445

Ser Thr Pro His Val Asn Phe Leu Leu Asp Ser His Pro Val Ser Pro

450 455 460

Glu Val Ile Val Glu His Thr Leu Asn Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Val

465 470 475 480

Ile Thr Gly Lys Lys Ile Thr Lys Ile Pro Leu Asn Gly Leu Gly Cys

485 490 495

Arg His Phe Gln Ser Cys Ser Gln Cys Leu Ser Ala Pro Pro Phe Val

500 505 510

Gln Cys Gly Trp Cys His Asp Lys Cys Val Arg Ser Glu Glu Cys Leu

515 520 525

Ser Gly Thr Trp Thr Gln Gln Ile Cys Leu Pro Ala Ile Tyr Lys Val

530 535 540

Phe Pro Asn Ser Ala Pro Leu Glu Gly Gly Thr Arg Leu Thr Ile Cys

545 550 555 560

Gly Trp Asp Phe Gly Phe Arg Arg Asn Asn Lys Phe Asp Leu Lys Lys

565 570 575

Thr Arg Val Leu Leu Gly Asn Glu Ser Cys Thr Leu Thr Leu Ser Glu

580 585 590

Ser Thr Met Asn Thr Leu Lys Cys Thr Val Gly Pro Ala Met Asn Lys

595 600 605

His Phe Asn Met Ser Ile Ile Ile Ser Asn Gly His Gly Thr Thr Gln

610 615 620

Tyr Ser Thr Phe Ser Tyr Val Asp Pro Val Ile Thr Ser Ile Ser Pro

625 630 635 640

Lys Tyr Gly Pro Met Ala Gly Gly Thr Leu Leu Thr Leu Thr Gly Asn

645 650 655

Tyr Leu Asn Ser Gly Asn Ser Arg His Ile Ser Ile Gly Gly Lys Thr

660 665 670

Cys Thr Leu Lys Ser Val Ser Asn Ser Ile Leu Glu Cys Tyr Thr Pro

675 680 685

Ala Gln Thr Ile Ser Thr Glu Phe Ala Val Lys Leu Lys Ile Asp Leu

690 695 700

Ala Asn Arg Glu Thr Ser Ile Phe Ser Tyr Arg Glu Asp Pro Ile Val

705 710 715 720

Tyr Glu Ile His Pro Thr Lys Ser Phe Ile Ser Gly Gly Ser Thr Ile

725 730 735

Thr Gly Val Gly Lys Asn Leu Asn Ser Val Ser Val Pro Arg Met Val

740 745 750

Ile Asn Val His Glu Ala Gly Arg Asn Phe Thr Val Ala Cys Gln His

755 760 765

Arg Ser Asn Ser Glu Ile Ile Cys Cys Thr Thr Pro Ser Leu Gln Gln

770 775 780

Leu Asn Leu Gln Leu Pro Leu Lys Thr Lys Ala Phe Phe Met Leu Asp

785 790 795 800

Gly Ile Leu Ser Lys Tyr Phe Asp Leu Ile Tyr Val His Asn Pro Val

805 810 815

Phe Lys Pro Phe Glu Lys Pro Val Met Ile Ser Met Gly Asn Glu Asn
820 825 830
Val Leu Glu Ile Lys Gly Asn Asp Ile Asp Pro Glu Ala Val Lys Gly
835 840 845
Glu Val Leu Lys Val Gly Asn Lys Ser Cys Glu Asn Ile His Leu His
850 855 860
Ser Glu Ala Val Leu Cys Thr Val Pro Asn Asp Leu Leu Lys Leu Asn
865 870 875 880
Ser Glu Leu Asn Ile Glu Trp Lys Gln Ala Ile Ser Ser Thr Val Leu

885 890 895
Gly Lys Val Ile Val Gln Pro Asp Gln Asn Phe
900 905

<210> 2004
<211> 326
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> human Endosialin extracellular mucin domain
<400> 2004
Ala Ser Gln Asp Leu Gly Asp Glu Leu Leu Asp Asp Gly Glu Asp Glu
1 5 10 15
Glu Asp Glu Asp Glu Ala Trp Lys Ala Phe Asn Gly Gly Trp Thr Glu
20 25 30

Met Pro Gly Ile Leu Trp Met Glu Pro Thr Gln Pro Pro Asp Phe Ala
35 40 45
Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Glu Asp Arg Glu Pro Gln Ile Pro
50 55 60
Tyr Pro Glu Pro Thr Trp Pro Pro Pro Leu Ser Ala Pro Arg Val Pro
65 70 75 80
Tyr His Ser Ser Val Leu Ser Val Thr Arg Pro Val Val Val Ser Ala
85 90 95
Thr His Pro Thr Leu Pro Ser Ala His Gln Pro Pro Val Ile Pro Ala

100 105 110

Thr His Pro Ala Leu Ser Arg Asp His Gln Ile Pro Val Ile Ala Ala
115 120 125
Asn Tyr Pro Asp Leu Pro Ser Ala Tyr Gln Pro Gly Ile Leu Ser Val
130 135 140
Ser His Ser Ala Gln Pro Pro Ala His Gln Pro Pro Met Ile Ser Thr
145 150 155 160
Lys Tyr Pro Glu Leu Phe Pro Ala His Gln Ser Pro Met Phe Pro Asp
165 170 175

Thr Arg Val Ala Gly Thr Gln Thr Thr Thr His Leu Pro Gly Ile Pro
180 185 190
Pro Asn His Ala Pro Leu Val Thr Thr Leu Gly Ala Gln Leu Pro Pro
195 200 205
Gln Ala Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg Thr Gln Ala Thr Gln Leu Pro
210 215 220
Ile Ile Pro Thr Ala Gln Pro Ser Leu Thr Thr Thr Ser Arg Ser Pro
225 230 235 240
Val Ser Pro Ala His Gln Ile Ser Val Pro Ala Ala Thr Gln Pro Ala

245 250 255
Ala Leu Pro Thr Leu Leu Pro Ser Gln Ser Pro Thr Asn Gln Thr Ser
260 265 270
Pro Ile Ser Pro Thr His Pro His Ser Lys Ala Pro Gln Ile Pro Arg
275 280 285
Glu Asp Gly Pro Ser Pro Lys Leu Ala Leu Trp Leu Pro Ser Pro Ala
290 295 300
Pro Thr Ala Ala Pro Thr Ala Leu Gly Glu Ala Gly Leu Ala Glu His
305 310 315 320

Ser Gln Arg Asp Asp Arg
325

<210> 2005
<211> 116
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> human Endosialin extracellular three EGF-like domains

<400> 2005

Cys Ser Pro Asp Asn Gly Gly Cys Glu His Glu Cys Val Glu Glu Val
1 5 10 15

Asp Gly His Val Ser Cys Arg Cys Thr Glu Gly Phe Arg Leu Ala Ala
20 25 30

Asp Gly Arg Ser Cys Glu Asp Pro Cys Ala Gln Ala Pro Cys Glu Gln
35 40 45

Gln Cys Glu Pro Gly Gly Pro Gln Gly Tyr Ser Cys His Cys Arg Leu
50 55 60

Gly Phe Arg Pro Ala Glu Asp Asp Pro His Arg Cys Val Asp Thr Asp
65 70 75 80

Glu Cys Gln Ile Ala Gly Val Cys Gln Gln Met Cys Val Asn Tyr Val
85 90 95

Gly Gly Phe Glu Cys Tyr Cys Ser Glu Gly His Glu Leu Glu Ala Asp
100 105 110

Gly Ile Ser Cys
115

<210> 2006

<211> 55

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human Endosialin extracellular Sushi/SCR/CCP domain

<400> 2006

Pro Ala Val Tyr Thr Thr Pro Phe His Leu Val Ser Thr Glu Phe Glu
1 5 10 15

Trp Leu Pro Phe Gly Ser Val Ala Ala Val Gln Cys Gln Ala Gly Arg
20 25 30

Gly Ala Ser Leu Leu Cys Val Lys Gln Pro Glu Gly Gly Val Gly Trp
35 40 45

Ser Arg Ala Gly Pro Leu Cys
50 55

<210> 2007

<211> 665

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human Endosialin extracellular domain

<400> 2007

Trp Ala Ala Glu Pro Arg Ala Ala Cys Gly Pro Ser Ser Cys Tyr Ala
1 5 10 15

Leu Phe Pro Arg Arg Arg Thr Phe Leu Glu Ala Trp Arg Ala Cys Arg
20 25 30

Glu Leu Gly Gly Asp Leu Ala Thr Pro Arg Thr Pro Glu Glu Ala Gln
35 40 45

Arg Val Asp Ser Leu Val Gly Ala Gly Pro Ala Ser Arg Leu Leu Trp
50 55 60

Ile Gly Leu Gln Arg Gln Ala Arg Gln Cys Gln Leu Gln Arg Pro Leu
65 70 75 80

Arg Gly Phe Thr Trp Thr Thr Gly Asp Gln Asp Thr Ala Phe Thr Asn
85 90 95

Trp Ala Gln Pro Ala Ser Gly Gly Pro Cys Pro Ala Gln Arg Cys Val

100 105 110

Ala Leu Glu Ala Ser Gly Glu His Arg Trp Leu Glu Gly Ser Cys Thr
115 120 125

Leu Ala Val Asp Gly Tyr Leu Cys Gln Phe Gly Phe Glu Gly Ala Cys
130 135 140

Pro Ala Leu Gln Asp Glu Ala Gly Gln Ala Gly Pro Ala Val Tyr Thr
145 150 155 160

Thr Pro Phe His Leu Val Ser Thr Glu Phe Glu Trp Leu Pro Phe Gly
165 170 175

Ser Val Ala Ala Val Gln Cys Gln Ala Gly Arg Gly Ala Ser Leu Leu
180 185 190

Cys Val Lys Gln Pro Glu Gly Gly Val Gly Trp Ser Arg Ala Gly Pro
195 200 205

Leu Cys Leu Gly Thr Gly Cys Ser Pro Asp Asn Gly Gly Cys Glu His
210 215 220
Glu Cys Val Glu Glu Val Asp Gly His Val Ser Cys Arg Cys Thr Glu
225 230 235 240
Gly Phe Arg Leu Ala Ala Asp Gly Arg Ser Cys Glu Asp Pro Cys Ala

245 250 255
Gln Ala Pro Cys Glu Gln Gln Cys Glu Pro Gly Gly Pro Gln Gly Tyr
260 265 270
Ser Cys His Cys Arg Leu Gly Phe Arg Pro Ala Glu Asp Asp Pro His
275 280 285
Arg Cys Val Asp Thr Asp Glu Cys Gln Ile Ala Gly Val Cys Gln Gln
290 295 300
Met Cys Val Asn Tyr Val Gly Gly Phe Glu Cys Tyr Cys Ser Glu Gly
305 310 315 320

His Glu Leu Glu Ala Asp Gly Ile Ser Cys Ser Pro Ala Gly Ala Met
325 330 335
Gly Ala Gln Ala Ser Gln Asp Leu Gly Asp Glu Leu Leu Asp Asp Gly
340 345 350
Glu Asp Glu Glu Asp Glu Asp Glu Ala Trp Lys Ala Phe Asn Gly Gly
355 360 365
Trp Thr Glu Met Pro Gly Ile Leu Trp Met Glu Pro Thr Gln Pro Pro
370 375 380
Asp Phe Ala Leu Ala Tyr Arg Pro Ser Phe Pro Glu Asp Arg Glu Pro

385 390 395 400
Gln Ile Pro Tyr Pro Glu Pro Thr Trp Pro Pro Pro Leu Ser Ala Pro
405 410 415
Arg Val Pro Tyr His Ser Ser Val Leu Ser Val Thr Arg Pro Val Val
420 425 430
Val Ser Ala Thr His Pro Thr Leu Pro Ser Ala His Gln Pro Pro Val
435 440 445
Ile Pro Ala Thr His Pro Ala Leu Ser Arg Asp His Gln Ile Pro Val

450 455 460

Ile Ala Ala Asn Tyr Pro Asp Leu Pro Ser Ala Tyr Gln Pro Gly Ile
465 470 475 480
Leu Ser Val Ser His Ser Ala Gln Pro Pro Ala His Gln Pro Pro Met
485 490 495
Ile Ser Thr Lys Tyr Pro Glu Leu Phe Pro Ala His Gln Ser Pro Met
500 505 510
Phe Pro Asp Thr Arg Val Ala Gly Thr Gln Thr Thr Thr His Leu Pro
515 520 525
Gly Ile Pro Pro Asn His Ala Pro Leu Val Thr Thr Leu Gly Ala Gln

530 535 540
Leu Pro Pro Gln Ala Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg Thr Gln Ala Thr
545 550 555 560
Gln Leu Pro Ile Ile Pro Thr Ala Gln Pro Ser Leu Thr Thr Thr Ser
565 570 575
Arg Ser Pro Val Ser Pro Ala His Gln Ile Ser Val Pro Ala Ala Thr
580 585 590
Gln Pro Ala Ala Leu Pro Thr Leu Leu Pro Ser Gln Ser Pro Thr Asn
595 600 605

Gln Thr Ser Pro Ile Ser Pro Thr His Pro His Ser Lys Ala Pro Gln
610 615 620
Ile Pro Arg Glu Asp Gly Pro Ser Pro Lys Leu Ala Leu Trp Leu Pro
625 630 635 640
Ser Pro Ala Pro Thr Ala Ala Pro Thr Ala Leu Gly Glu Ala Gly Leu
645 650 655
Ala Glu His Ser Gln Arg Asp Asp Arg
660 665

<210> 2008
<211> 447
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> human IGF-R1 extracellular three fibronectin type III domains

<400> 2008

Ser Asp Val Leu His Phe Thr Ser Thr Thr Thr Ser Lys Asn Arg Ile
1 5 10 15

Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr Arg Pro Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile
20 25 30

Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys Glu Ala Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu
35 40 45

Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys Gly Ser Asn Ser Trp Asn Met Val Asp

50 55 60

Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys Asp Val Glu Pro Gly Ile Leu Leu His
65 70 75 80

Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln Tyr Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Thr
85 90 95

Leu Thr Met Val Glu Asn Asp His Ile Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile
100 105 110

Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala Ser Val Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val
115 120 125

Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser Ser Gln Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro
130 135 140

Pro Ser Leu Pro Asn Gly Asn Leu Ser Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln
145 150 155 160

Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr Leu Tyr Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys
165 170 175

Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Asp Ile Glu
180 185 190

Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys Thr Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Gly

195 200 205

Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys Thr Glu Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys
210 215 220

Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys Val Phe Glu Asn Phe Leu His Asn Ser
225 230 235 240

Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu Arg Lys Arg Arg Asp Val Met Gln Val
245 250 255
Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser Arg Ser Arg Asn Thr Thr Ala Ala Asp
260 265 270

Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Pro Glu Glu Leu Glu Thr Glu Tyr Pro Phe
275 280 285
Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn Lys Glu Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu
290 295 300
Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg Ile Asp Ile His Ser Cys Asn His Glu
305 310 315 320
Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser Ala Ser Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr
325 330 335
Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp Asp Ile Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu

340 345 350
Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile Phe Leu Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn
355 360 365
Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met Tyr Glu Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val
370 375 380
Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val Ser Arg Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly
385 390 395 400
Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu Asn Pro Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile
405 410 415

Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly Asn Gly Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe
420 425 430
Phe Tyr Val Gln Ala Lys Thr Gly Tyr Glu Asn Phe Ile His Leu
435 440 445
<210> 2009
<211> 160
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> human IGF-R1 extracellular C2 domain
<400> 2009

Lys Val Cys Glu Glu Glu Lys Lys Thr Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr
1 5 10 15

Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly Cys Thr Ile Phe Lys Gly Asn Leu Leu
20 25 30
Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn Asn Ile Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe
35 40 45
Met Gly Leu Ile Glu Val Val Thr Gly Tyr Val Lys Ile Arg His Ser
50 55 60
His Ala Leu Val Ser Leu Ser Phe Leu Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu
65 70 75 80
Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly Asn Tyr Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn

85 90 95
Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp Asp Trp Asp His Arg Asn Leu Thr Ile
100 105 110
Lys Ala Gly Lys Met Tyr Phe Ala Phe Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser
115 120 125
Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu Val Thr Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser
130 135 140
Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg Asn Asn Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu
145 150 155 160

<210> 2010
<211> 906
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> human IGF-R1 extracellular domain
<400> 2010
Glu Ile Cys Gly Pro Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu
1 5 10 15
Lys Arg Leu Glu Asn Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu
20 25 30
Leu Ile Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu

35 40 45

Thr Val Ile Thr Glu Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu
50 55 60
Ser Leu Gly Asp Leu Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys
65 70 75 80
Leu Phe Tyr Asn Tyr Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys
85 90 95
Asp Ile Gly Leu Tyr Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg
100 105 110
Ile Glu Lys Asn Ala Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser

115 120 125
Leu Ile Leu Asp Ala Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro
130 135 140
Pro Lys Glu Cys Gly Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro
145 150 155 160
Met Cys Glu Lys Thr Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp
165 170 175
Thr Thr Asn Arg Cys Gln Lys Met Cys Pro Ser Thr Cys Gly Lys Arg
180 185 190

Ala Cys Thr Glu Asn Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser
195 200 205
Cys Ser Ala Pro Asp Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr
210 215 220
Tyr Tyr Ala Gly Val Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg
225 230 235 240
Phe Glu Gly Trp Arg Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu
245 250 255
Ser Ala Glu Ser Ser Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu

260 265 270
Cys Met Gln Glu Cys Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser
275 280 285

Met Tyr Cys Ile Pro Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Glu Glu
290 295 300
Glu Lys Lys Thr Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu
305 310 315 320
Gln Gly Cys Thr Ile Phe Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg
325 330 335

Gly Asn Asn Ile Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu
340 345 350
Val Val Thr Gly Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser
355 360 365
Leu Ser Phe Leu Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu
370 375 380
Glu Gly Asn Tyr Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln
385 390 395 400
Leu Trp Asp Trp Asp His Arg Asn Leu Thr Ile Lys Ala Gly Lys Met

405 410 415
Tyr Phe Ala Phe Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met
420 425 430
Glu Glu Val Thr Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn
435 440 445
Thr Arg Asn Asn Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu His
450 455 460
Phe Thr Ser Thr Thr Thr Ser Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His
465 470 475 480

Arg Tyr Arg Pro Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr
485 490 495
Tyr Lys Glu Ala Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp
500 505 510
Ala Cys Gly Ser Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro
515 520 525
Asn Lys Asp Val Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp
530 535 540

Thr Gln Tyr Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu

545 550 555 560

Asn Asp His Ile Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr

565 570 575

Asn Ala Ser Val Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn

580 585 590

Ser Ser Ser Gln Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Ser Leu Pro Asn

595 600 605

Gly Asn Leu Ser Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp

610 615 620

Gly Tyr Leu Tyr Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile

625 630 635 640

Arg Lys Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Asp Ile Glu Glu Val Thr Glu Asn

645 650 655

Pro Lys Thr Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys

660 665 670

Pro Lys Thr Glu Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr

675 680 685

Arg Lys Val Phe Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg

690 695 700

Pro Glu Arg Lys Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met

705 710 715 720

Ser Ser Arg Ser Arg Asn Thr Thr Ala Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr

725 730 735

Asp Pro Glu Glu Leu Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val

740 745 750

Asp Asn Lys Glu Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu

755 760 765

Tyr Arg Ile Asp Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly

770 775 780

Cys Ser Ala Ser Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly

785 790 795 800

Ala Asp Asp Ile Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn

805 810 815

Ser Ile Phe Leu Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile

820 825 830

Leu Met Tyr Glu Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu

835 840 845

Cys Val Ser Arg Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn

850 855 860

Arg Leu Asn Pro Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu

865 870 875 880

Ser Gly Asn Gly Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Gln Ala

885 890 895

Lys Thr Gly Tyr Glu Asn Phe Ile His Leu

900 905

<210> 2011

<211> 4104

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF-1R-1

<400> 2011

atgaagtctg gctccggcgg agggtccccg acctcgctgt gggggctcct gtttctctcc 60

gccgcgctct cgctctggcc gacgagtgga gaaatctgcg ggccaggcat cgacatccgc 120

aacgactatc agcagctgaa gcgcctggag aactgcacgg tgatcgaggg ctacctccac 180

atcctgctca tctccaaggc cgaggactac cgcagctacc gcttccccaa gctcacggtc 240

attaccgagt acttgctgct gttccgagtg gctggcctcg agagcctcgg agacctcttc 300

cccaacctca cggtcatccg cggctggaaa ctcttctaca actacgccct ggtcatcttc 360

gagatgacca atctcaagga tattgggctt tacaacctga ggaacattac tcgggggcc 420

atcaggattg agaaaaatgc tgacctctgt tacctctcca ctgtggactg gtccctgatc 480

ctggatgcgg tgtccaataa ctacattgtg gggaataagc ccccaaagga atgtggggac 540

ctgtgtccag ggaccatgga ggagaagccg atgtgtgaga agaccaccat caacaatgag 600

tacaactacc gctgctggac cacaaaccgc tgccagaaaa tgtgcccaag cacgtgtggg 660

aagcgggcgt gcaccgagaa caatgagtgc tgccaccccg agtgcctggg cagctgcagc 720

gcgcctgaca acgacacggc ctgtgtagct tgccgccact actactatgc cggtgtctgt 780

gtgcctgcct gcccgcccaa cacctacagg tttgagggct ggcgctgtgt ggaccgtgac 840

ttctgcgcca acatcctcag cgccgagagc agcgactccg aggggtttgt gatccacgac 900

ggcgagtgca tgcaggagtg cccctcgggc ttcatccgca acggcagcca gagcatgtac 960

tgcatccctt gtgaaggtcc ttgcccgaag gtctgtgagg aagaaaagaa aacaaagacc 1020

attgattctg ttacttctgc tcagatgctc caaggatgca ccatcttcaa gggcaatttg 1080

ctcattaaca tccgacgggg gaataacatt gcttcagagc tggagaactt catggggctc 1140

atcgaggtgg tgacgggcta cgtgaagatc cgccattctc atgccttggt ctccttgtcc 1200

ttcctaaaaa accttcgcct catcctagga gaggagcagc tagaagggaa ttactccttc 1260

tacgtcctcg acaaccagaa cttgcagcaa ctgtgggact gggaccaccg caacctgacc 1320

atcaaagcag ggaaaatgta ctttgctttc aatcccaaat tatgtgtttc cgaaatttac 1380

cgcatggagg aagtgacggg gactaaaggg cgccaaagca aaggggacat aaacaccagg 1440

aacaacgggg agagagcctc ctgtgaaagt gacgtcctgc atttcacctc caccaccacg 1500

tcgaagaatc gcatcatcat aacctggcac cggtaccggc cccctgacta cagggatctc 1560

atcagcttca ccgtttacta caaggaagca ccctttaaga atgtcacaga gtatgatggg 1620

caggatgcct gcggctccaa cagctggaac atggtggacg tggacctccc gcccaacaag 1680

gacgtggagc ccggcatctt actacatggg ctgaagccct ggactcagta cgccgtttac 1740

gtcaaggctg tgaccctcac catggtggag aacgaccata tccgtggggc caagagtgag 1800

atcttgtaca ttcgcaccaa tgcttcagtt ccttccattc ccttggacgt tctttcagca 1860

tcgaactcct cttctcagtt aatcgtgaag tggaaccctc cctctctgcc caacggcaac 1920

ctgagttact acattgtgcg ctggcagcgg cagcctcagg acggctacct ttaccggcac 1980

aattactgct ccaaagacaa aatccccatc aggaagtatg ccgacggcac catcgacatt 2040

gaggaggtca cagagaaccc caagactgag gtgtgtggtg gggagaaagg gccttgctgc 2100

gcctgcccca aaactgaagc cgagaagcag gccgagaagg aggaggctga ataccgcaaa 2160

gtctttgaga atttcctgca caactccatc ttcgtgccca gacctgaaag gaagcggaga 2220

gatgtcatgc aagtggccaa caccaccatg tccagccgaa gcaggaacac cacggccgca 2280

gacacctaca acatcaccga cccggaagag ctggagacag agtacccttt ctttgagagc 2340

agagtggata acaaggagag aactgtcatt tctaaccttc ggcctttcac attgtaccgc 2400

atcgatatcc acagctgcaa ccacgaggct gagaagctgg gctgcagcgc ctccaacttc 2460

gtctttgcaa ggactatgcc cgcagaagga gcagatgaca ttcctgggcc agtgacctgg 2520

gagccaaggc ctgaaaactc catcttttta aagtggccgg aacctgagaa tcccaatgga 2580

ttgattctaa tgtatgaaat aaaatacgga tcacaagttg aggatcagcg agaatgtgtg 2640

tccagacagg aatacaggaa gtatggaggg gccaagctaa accggctaaa cccggggaac 2700

tacacagccc ggattcaggc cacatctctc tctgggaatg ggtcgtggac agatcctgtg 2760

ttcttctatg tccaggccaa aacaggatat gaaaacttca tccatctgat catcgctctg 2820

cccgtcgctg tcctgttgat cgtgggaggg ttggtgatta tgctgtacgt cttccataga 2880

aagagaaata acagcaggct ggggaatgga gtgctgtatg cctctgtgaa cccggagtac 2940

ttcagcgctg ctgatgtgta cgttcctgat gagtgggagg tggctcggga gaagatcacc 3000

atgagccggg aacttgggca ggggtcgttt gggatggtct atgaaggagt tgccaagggt 3060

gtggtgaaag atgaacctga aaccagagtg gccattaaaa cagtgaacga ggccgcaagc 3120

atgcgtgaga ggattgagtt tctcaacgaa gcttctgtga tgaaggagtt caattgtcac 3180

catgtggtgc gattgctggg tgtggtgtcc caaggccagc caacactggt catcatggaa 3240

ctgatgacac ggggcgatct caaaagttat ctccggtctc tgaggccaga aatggagaat 3300

aatccagtcc tagcacctcc aagcctgagc aagatgattc agatggccgg agagattgca 3360

gacggcatgg catacctcaa cgccaataag ttcgtccaca gagaccttgc tgcccggaat 3420

tgcatggtag ccgaagattt cacagtcaaa atcggagatt ttggtatgac gcgagatatc 3480

tatgagacag actattaccg gaaaggaggg aaagggctgc tgcccgtgcg ctggatgtct 3540

cctgagtccc tcaaggatgg agtcttcacc acttactcgg acgtctggtc cttcggggtc 3600

gtcctctggg agatcgccac actggccgag cagccctacc agggcttgtc caacgagcaa 3660

gtccttcgct tcgtcatgga gggcggcctt ctggacaagc cagacaactg tcctgacatg 3720

ctgtttgaac tgatgcgcat gtgctggcag tataacccca agatgaggcc ttccttcctg 3780

gagatcatca gcagcatcaa agaggagatg gagcctggct tccgggaggt ctccttctac 3840

tacagcgagg agaacaagct gcccgagccg gaggagctgg acctggagcc agagaacatg 3900

gagagcgtcc ccctggaccc ctcggcctcc tcgtcctccc tgccactgcc cgacagacac 3960

tcaggacaca aggccgagaa cggccccggc cctggggtgc tggtcctccg cgccagcttc 4020

gacgagagac agccttacgc ccacatgaac gggggccgca agaacgagcg ggccttgccg 4080

ctgccccagt cttcgacctg ctga 4104

<210> 2012

<211> 1367

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF-1R-2

<400> 2012

Met Lys Ser Gly Ser Gly Gly Gly Ser Pro Thr Ser Leu Trp Gly Leu
1 5 10 15

Leu Phe Leu Ser Ala Ala Leu Ser Leu Trp Pro Thr Ser Gly Glu Ile
20 25 30

Cys Gly Pro Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg
35 40 45

Leu Glu Asn Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu Leu Ile
50 55 60

Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val
65 70 75 80

Ile Thr Glu Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu
85 90 95

Gly Asp Leu Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe
100 105 110

Tyr Asn Tyr Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile
115 120 125

Gly Leu Tyr Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu
130 135 140

Lys Asn Ala Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser Leu Ile
145 150 155 160

Leu Asp Ala Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys
165 170 175

Glu Cys Gly Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro Met Cys
180 185 190

Glu Lys Thr Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr
195 200 205

Asn Arg Cys Gln Lys Met Cys Pro Ser Thr Cys Gly Lys Arg Ala Cys
210 215 220

Thr Glu Asn Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys Ser
225 230 235 240
Ala Pro Asp Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr
245 250 255

Ala Gly Val Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg Phe Glu
260 265 270
Gly Trp Arg Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu Ser Ala
275 280 285
Glu Ser Ser Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu Cys Met
290 295 300
Gln Glu Cys Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser Met Tyr
305 310 315 320
Cys Ile Pro Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Glu Glu Glu Lys

325 330 335
Lys Thr Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly
340 345 350
Cys Thr Ile Phe Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn
355 360 365
Asn Ile Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val
370 375 380
Thr Gly Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser
385 390 395 400

Phe Leu Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly
405 410 415
Asn Tyr Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp
420 425 430
Asp Trp Asp His Arg Asn Leu Thr Ile Lys Ala Gly Lys Met Tyr Phe
435 440 445
Ala Phe Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu
450 455 460
Val Thr Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg

465 470 475 480

Asn Asn Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu His Phe Thr

485 490 495

Ser Thr Thr Thr Ser Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr

500 505 510

Arg Pro Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys

515 520 525

Glu Ala Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys

530 535 540

Gly Ser Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys

545 550 555 560

Asp Val Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln

565 570 575

Tyr Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp

580 585 590

His Ile Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala

595 600 605

Ser Val Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser

610 615 620

Ser Gln Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Ser Leu Pro Asn Gly Asn

625 630 635 640

Leu Ser Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr

645 650 655

Leu Tyr Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys

660 665 670

Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Asp Ile Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys

675 680 685

Thr Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys

690 695 700

Thr Glu Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys

705 710 715 720

Val Phe Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu

725 730 735

Arg Lys Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser

740 745 750

Arg Ser Arg Asn Thr Thr Ala Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Pro

755 760 765

Glu Glu Leu Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn

770 775 780

Lys Glu Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg

785 790 795 800

Ile Asp Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser

805 810 815

Ala Ser Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp

820 825 830

Asp Ile Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile

835 840 845

Phe Leu Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met

850 855 860

Tyr Glu Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val

865 870 875 880

Ser Arg Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu

885 890 895

Asn Pro Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly

900 905 910

Asn Gly Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Gln Ala Lys Thr

915 920 925

Gly Tyr Glu Asn Phe Ile His Leu Ile Ile Ala Leu Pro Val Ala Val

930 935 940

Leu Leu Ile Val Gly Gly Leu Val Ile Met Leu Tyr Val Phe His Arg

945 950 955 960

Lys Arg Asn Asn Ser Arg Leu Gly Asn Gly Val Leu Tyr Ala Ser Val

965 970 975

Asn Pro Glu Tyr Phe Ser Ala Ala Asp Val Tyr Val Pro Asp Glu Trp
980 985 990
Glu Val Ala Arg Glu Lys Ile Thr Met Ser Arg Glu Leu Gly Gln Gly
995 1000 1005
Ser Phe Gly Met Val Tyr Glu Gly Val Ala Lys Gly Val Val Lys Asp
1010 1015 1020
Glu Pro Glu Thr Arg Val Ala Ile Lys Thr Val Asn Glu Ala Ala Ser
1025 1030 1035 1040
Met Arg Glu Arg Ile Glu Phe Leu Asn Glu Ala Ser Val Met Lys Glu

1045 1050 1055
Phe Asn Cys His His Val Val Arg Leu Leu Gly Val Val Ser Gln Gly
1060 1065 1070
Gln Pro Thr Leu Val Ile Met Glu Leu Met Thr Arg Gly Asp Leu Lys
1075 1080 1085
Ser Tyr Leu Arg Ser Leu Arg Pro Glu Met Glu Asn Asn Pro Val Leu
1090 1095 1100
Ala Pro Pro Ser Leu Ser Lys Met Ile Gln Met Ala Gly Glu Ile Ala
1105 1110 1115 1120

Asp Gly Met Ala Tyr Leu Asn Ala Asn Lys Phe Val His Arg Asp Leu
1125 1130 1135
Ala Ala Arg Asn Cys Met Val Ala Glu Asp Phe Thr Val Lys Ile Gly
1140 1145 1150
Asp Phe Gly Met Thr Arg Asp Ile Tyr Glu Thr Asp Tyr Tyr Arg Lys
1155 1160 1165
Gly Gly Lys Gly Leu Leu Pro Val Arg Trp Met Ser Pro Glu Ser Leu
1170 1175 1180
Lys Asp Gly Val Phe Thr Thr Tyr Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val

1185 1190 1195 1200
Val Leu Trp Glu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Gln Pro Tyr Gln Gly Leu
1205 1210 1215
Ser Asn Glu Gln Val Leu Arg Phe Val Met Glu Gly Gly Leu Leu Asp
1220 1225 1230

Lys Pro Asp Asn Cys Pro Asp Met Leu Phe Glu Leu Met Arg Met Cys
1235 1240 1245

Trp Gln Tyr Asn Pro Lys Met Arg Pro Ser Phe Leu Glu Ile Ile Ser
1250 1255 1260

Ser Ile Lys Glu Glu Met Glu Pro Gly Phe Arg Glu Val Ser Phe Tyr
1265 1270 1275 1280

Tyr Ser Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Pro Glu Glu Leu Asp Leu Glu
1285 1290 1295

Pro Glu Asn Met Glu Ser Val Pro Leu Asp Pro Ser Ala Ser Ser Ser
1300 1305 1310

Ser Leu Pro Leu Pro Asp Arg His Ser Gly His Lys Ala Glu Asn Gly
1315 1320 1325

Pro Gly Pro Gly Val Leu Val Leu Arg Ala Ser Phe Asp Glu Arg Gln

1330 1335 1340

Pro Tyr Ala His Met Asn Gly Gly Arg Lys Asn Glu Arg Ala Leu Pro
1345 1350 1355 1360

Leu Pro Gln Ser Ser Thr Cys
1365

<210> 2013

<211> 4104

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF-1R-3

<400> 2013

atgaagtctg gctctggaga agggtccccg acctcgctgt gggggctcct gtttctctcc 60

gccgcgctct cgctctggcc gacgagtgga gaaatctgtg ggccgggcat cgacatccgc 120

aacgactatc agcagctgaa gcgcctggag aactgcacgg tgatcgaggg ctacctccac 180

atcctgctca tctccaaggc cgaggactac cgcagctacc gcttccccaa gctcacggtc 240

atcaccgagt acttgctgtt gttccgagtg gctggcctag agagcctcgg agacctgttc 300

cccaacctca cggtaatccg cggctggaaa ctcttctaca actacgcact agtcatcttt 360

gagatgacca atctcaagga tattgggctt tacaacctga ggaacattac tcgggggcc 420

atcaggattg agaaaaatgc tgacctctgt tacctctcca ctgtggactg gtccctgatc 480

ctggatgcag tgtccaataa ctacattgtg gggaataagc ccccaaagga atgcggggac 540

ctgtgtccgg ggaccatgga ggagaagccg atgtgcgaga agaccaccat caacaatgag 600

tacaactacc gctgctggac cacaaaccgc tgccagaaaa tgtgcccgag tgcctgtggg 660

aagagggcat gcaccgagaa caacgagtgc tgccaccccg agtgcctggg cagctgcagc 720

gcgcctgaca acgacacggc ctgtgtagct tgccgccact actactacgc cggtgtctgc 780

gtgcctgcct gcccgcccaa cacctacagg tttgagggct ggcgctgtgt ggaccgtgac 840

ttctgcgcca acatcctcag cgccgagagc agcgactccg agggtttcgt gatccacgac 900

ggcgagtgca tgcaggagtg cccctcaggc ttcatccgca acggcagcca gagcatgtac 960

tgcatccctt gtgaaggtcc ttgccccaag gtctgtgagg aagaaaagaa aacaaagacc 1020

attgattctg ttacttctgc tcagatgctc caaggatgca ccatcttcaa gggcaatttg 1080

ctcattaaca tccgacgggg gaataacatt gcttcagaac tggagaactt catggggctc 1140

atcgaggtgg tgacgggcta cgtgaagatc cgccattccc atgccttggt ctccttgtcc 1200

ttcctaaaaa accttcgcct catcttagga gaggagcagc tagaagggaa ttactccttc 1260

tacgtcctcg acaaccagaa cttgcagcaa ctatgggact gggaccaccg caacctgacc 1320

atcaaagcag ggaaaatgta ctttgctttc aatcccaaat tgtgtgtttc ggaaatttac 1380

cgcatggagg aagtgacggg gactaaaggg cgccaaagca aaggggacat aaacaccagg 1440

aacaacgggg aaagagcctc ctgtgaaagt gacgtcctgc atttcacctc caccaccacg 1500

tggaagaatc gcatcatcat aacctggcac cggtaccggc cccctgacta cagggatctc 1560

atcagcttca ccgtttacta caaggaagca ccttttaaga atgtcacgga gtatgatggg 1620

caggatgcct gcggctccaa cagctggaac atggtggatg tggacctccc gcccaacaag 1680

gacgtggagc ccggcatctt actgcatggg ctgaagccct ggactcagta cgccgtttac 1740

gtcaaggctg tgaccctcac catggtggag aacgaccata tccgtggggc caagagtgag 1800

atcttgtaca ttcgcaccaa tgcttcagtt ccttccattc ccttggacgt tctttcagca 1860

tcgaactcct cttctcagtt aatcgtgaag tggaaccctc cctctctgcc caacggcaac 1920

ctgagttact acattgtgcg ctggcagcgg cagcctcagg acggctacct ttaccggcac 1980

aattactgct ccaaagacaa aatccccatc aggaagtatg ccgacggcac cattgacatt 2040

gaggaggtca cagagaaccc gaagactgag gtgtgtggtg gagagaaagg gccttgctgc 2100

gcctgcccca aaactgaagc tgagaagcag gccgagaagg aggaggctga gtaccgcaaa 2160

gtctttgaga atttcctgca caactccatc tttgtgccca gacctgaaag gaagcggaga 2220

gatgtcatgc aagtggccaa caccaccatg tccagccgaa gcaggaacac cacggtggca 2280

gacacctaca acatcacaga tctggaagag ctagagacag agtacccttt ctttgagagc 2340

agagtggata ataaggagag aactgtcatt tctaaccttc ggcctttcac attgtaccgc 2400

attgatatcc acagctgcaa ccacgaggct gagaaactgg gctgcagcgc ctccaacttt 2460

gtctttgcaa ggactatgcc tgcagaagga gcagatgaca ttcctgggcc agtgacctgg 2520

gagccaaggc ctgaaaactc catcttttta aagtggccag aacctgagaa tcccaatgga 2580

ttgattctaa tgtatgaaat aaaatacgga tcacaagttg aggatcagcg agaatgtgtg 2640

tccagacagg aatacaggaa gtatggaggg gccaagctaa accggctaaa ccccgggaac 2700

tacacagccc ggattcaggc tacatctctc tctgggaatg ggtcgtggac agatcctgtg 2760

ttcttctatg tccaggccaa aacaggatat gaaaacttca tccatctgat catcgctctg 2820

cccgtcgctg tcctgttgat cgtgggaggg ttggtgatca tgctgtacgt cttccataga 2880

aagagaaata acagcaggct ggggaatgga gtgctgtacg cgtctgtgaa cccggagtac 2940

ttcagcgctg cggatgtgta cgttcctgat gagtgggagg tggctcggga gaagatcacc 3000

atgagccggg aacttgggca ggggtcgttt gggatggtct atgaaggagt tgccaagggt 3060

gtggtgaaag acgaacctga aaccagagtg gccattaaaa cagtgaacga ggccgcgagc 3120

atgcgtgaaa ggatcgagtt tctcaacgag gcttctgtga tgaaggagtt caattgtcac 3180

catgtggtgc ggttgctggg tgtggtgtcc cagggccagc caacgctggt catcatggaa 3240

ctgatgacgc ggggcgatct caaaagttat ctccggtctc tgaggccaga aatggagaat 3300

aatccagtcc tagcacctcc aagcctaagc aagatgattc agatggctgg agagattgca 3360

gacggcatgg catacctcaa cgccaacaag ttcgtccaca gagaccttgc tgcccggaat 3420

tgcatggtag ccgaggattt cacagtcaaa attggagatt ttgggatgac gcgagatatc 3480

tatgagacag actattaccg gaaaggaggg aaagggctgt tgcccgtgcg ctggatgtct 3540

cccgagtccc tcaaggatgg agtcttcacc acttactcgg acgtctggtc cttcggggtt 3600

gtcctctggg agatcgccac actggccgag cagccctacc agggcttgtc caacgagcaa 3660

gtccttcgct tcgtcatgga gggcggcctt ctggacaagc cagacaactg ccccgacatg 3720

ctgtttgaat tgatgcgcat gtgctggcag tacaacccca agatgaggcc ttccttcctg 3780

gagatcatca gcagcatcaa agacgagatg gagcctggct tccgggaggt ctccttctac 3840

tacagtgagg agaacaagct gcccgagccg gaggagctgg acctggagcc agagaacatg 3900

gagagcgtcc ccctggaccc ctcggcctcc tcgtcctccc tgccactgcc cgacagacac 3960

tcaggacaca aggccgagaa cggccccggc cctggagtgc tggtgctccg cgccagcttc 4020

gatgagagac agccttacgc acacatgaac ggtggccgca agaacgagcg ggccttgccg 4080

ctgccccagt cttcgacctg ctga 4104

<210> 2014

<211> 1367

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF-1R-4

<400> 2014

Met Lys Ser Gly Ser Gly Glu Gly Ser Pro Thr Ser Leu Trp Gly Leu
1 5 10 15

Leu Phe Leu Ser Ala Ala Leu Ser Leu Trp Pro Thr Ser Gly Glu Ile
20 25 30

Cys Gly Pro Gly Ile Asp Ile Arg Asn Asp Tyr Gln Gln Leu Lys Arg
35 40 45

Leu Glu Asn Cys Thr Val Ile Glu Gly Tyr Leu His Ile Leu Leu Ile
50 55 60

Ser Lys Ala Glu Asp Tyr Arg Ser Tyr Arg Phe Pro Lys Leu Thr Val
65 70 75 80

Ile Thr Glu Tyr Leu Leu Leu Phe Arg Val Ala Gly Leu Glu Ser Leu

85 90 95

Gly Asp Leu Phe Pro Asn Leu Thr Val Ile Arg Gly Trp Lys Leu Phe
100 105 110

Tyr Asn Tyr Ala Leu Val Ile Phe Glu Met Thr Asn Leu Lys Asp Ile
115 120 125

Gly Leu Tyr Asn Leu Arg Asn Ile Thr Arg Gly Ala Ile Arg Ile Glu
130 135 140

Lys Asn Ala Asp Leu Cys Tyr Leu Ser Thr Val Asp Trp Ser Leu Ile
145 150 155 160

Leu Asp Ala Val Ser Asn Asn Tyr Ile Val Gly Asn Lys Pro Pro Lys
165 170 175

Glu Cys Gly Asp Leu Cys Pro Gly Thr Met Glu Glu Lys Pro Met Cys
180 185 190

Glu Lys Thr Thr Ile Asn Asn Glu Tyr Asn Tyr Arg Cys Trp Thr Thr

195 200 205

Asn Arg Cys Gln Lys Met Cys Pro Ser Ala Cys Gly Lys Arg Ala Cys

210 215 220

Thr Glu Asn Asn Glu Cys Cys His Pro Glu Cys Leu Gly Ser Cys Ser

225 230 235 240

Ala Pro Asp Asn Asp Thr Ala Cys Val Ala Cys Arg His Tyr Tyr Tyr

245 250 255

Ala Gly Val Cys Val Pro Ala Cys Pro Pro Asn Thr Tyr Arg Phe Glu

260 265 270

Gly Trp Arg Cys Val Asp Arg Asp Phe Cys Ala Asn Ile Leu Ser Ala

275 280 285

Glu Ser Ser Asp Ser Glu Gly Phe Val Ile His Asp Gly Glu Cys Met

290 295 300

Gln Glu Cys Pro Ser Gly Phe Ile Arg Asn Gly Ser Gln Ser Met Tyr

305 310 315 320

Cys Ile Pro Cys Glu Gly Pro Cys Pro Lys Val Cys Glu Glu Glu Lys

325 330 335

Lys Thr Lys Thr Ile Asp Ser Val Thr Ser Ala Gln Met Leu Gln Gly

340 345 350

Cys Thr Ile Phe Lys Gly Asn Leu Leu Ile Asn Ile Arg Arg Gly Asn

355 360 365

Asn Ile Ala Ser Glu Leu Glu Asn Phe Met Gly Leu Ile Glu Val Val

370 375 380

Thr Gly Tyr Val Lys Ile Arg His Ser His Ala Leu Val Ser Leu Ser

385 390 395 400

Phe Leu Lys Asn Leu Arg Leu Ile Leu Gly Glu Glu Gln Leu Glu Gly

405 410 415

Asn Tyr Ser Phe Tyr Val Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gln Gln Leu Trp

420 425 430

Asp Trp Asp His Arg Asn Leu Thr Ile Lys Ala Gly Lys Met Tyr Phe

435 440 445

Ala Phe Asn Pro Lys Leu Cys Val Ser Glu Ile Tyr Arg Met Glu Glu
450 455 460
Val Thr Gly Thr Lys Gly Arg Gln Ser Lys Gly Asp Ile Asn Thr Arg
465 470 475 480
Asn Asn Gly Glu Arg Ala Ser Cys Glu Ser Asp Val Leu His Phe Thr
485 490 495
Ser Thr Thr Thr Trp Lys Asn Arg Ile Ile Ile Thr Trp His Arg Tyr
500 505 510
Arg Pro Pro Asp Tyr Arg Asp Leu Ile Ser Phe Thr Val Tyr Tyr Lys

515 520 525
Glu Ala Pro Phe Lys Asn Val Thr Glu Tyr Asp Gly Gln Asp Ala Cys
530 535 540
Gly Ser Asn Ser Trp Asn Met Val Asp Val Asp Leu Pro Pro Asn Lys
545 550 555 560
Asp Val Glu Pro Gly Ile Leu Leu His Gly Leu Lys Pro Trp Thr Gln
565 570 575
Tyr Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Thr Leu Thr Met Val Glu Asn Asp
580 585 590

His Ile Arg Gly Ala Lys Ser Glu Ile Leu Tyr Ile Arg Thr Asn Ala
595 600 605
Ser Val Pro Ser Ile Pro Leu Asp Val Leu Ser Ala Ser Asn Ser Ser
610 615 620
Ser Gln Leu Ile Val Lys Trp Asn Pro Pro Ser Leu Pro Asn Gly Asn
625 630 635 640
Leu Ser Tyr Tyr Ile Val Arg Trp Gln Arg Gln Pro Gln Asp Gly Tyr
645 650 655
Leu Tyr Arg His Asn Tyr Cys Ser Lys Asp Lys Ile Pro Ile Arg Lys

660 665 670
Tyr Ala Asp Gly Thr Ile Asp Ile Glu Glu Val Thr Glu Asn Pro Lys
675 680 685
Thr Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Gly Pro Cys Cys Ala Cys Pro Lys
690 695 700

Thr Glu Ala Glu Lys Gln Ala Glu Lys Glu Glu Ala Glu Tyr Arg Lys
705 710 715 720
Val Phe Glu Asn Phe Leu His Asn Ser Ile Phe Val Pro Arg Pro Glu
725 730 735

Arg Lys Arg Arg Asp Val Met Gln Val Ala Asn Thr Thr Met Ser Ser
740 745 750
Arg Ser Arg Asn Thr Thr Val Ala Asp Thr Tyr Asn Ile Thr Asp Leu
755 760 765
Glu Glu Leu Glu Thr Glu Tyr Pro Phe Phe Glu Ser Arg Val Asp Asn
770 775 780
Lys Glu Arg Thr Val Ile Ser Asn Leu Arg Pro Phe Thr Leu Tyr Arg
785 790 795 800
Ile Asp Ile His Ser Cys Asn His Glu Ala Glu Lys Leu Gly Cys Ser
805 810 815
Ala Ser Asn Phe Val Phe Ala Arg Thr Met Pro Ala Glu Gly Ala Asp
820 825 830
Asp Ile Pro Gly Pro Val Thr Trp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Ser Ile
835 840 845
Phe Leu Lys Trp Pro Glu Pro Glu Asn Pro Asn Gly Leu Ile Leu Met
850 855 860
Tyr Glu Ile Lys Tyr Gly Ser Gln Val Glu Asp Gln Arg Glu Cys Val
865 870 875 880

Ser Arg Gln Glu Tyr Arg Lys Tyr Gly Gly Ala Lys Leu Asn Arg Leu
885 890 895
Asn Pro Gly Asn Tyr Thr Ala Arg Ile Gln Ala Thr Ser Leu Ser Gly
900 905 910
Asn Gly Ser Trp Thr Asp Pro Val Phe Phe Tyr Val Gln Ala Lys Thr
915 920 925
Gly Tyr Glu Asn Phe Ile His Leu Ile Ile Ala Leu Pro Val Ala Val
930 935 940
Leu Leu Ile Val Gly Gly Leu Val Ile Met Leu Tyr Val Phe His Arg

945 950 955 960

Lys Arg Asn Asn Ser Arg Leu Gly Asn Gly Val Leu Tyr Ala Ser Val

965 970 975

Asn Pro Glu Tyr Phe Ser Ala Ala Asp Val Tyr Val Pro Asp Glu Trp

980 985 990

Glu Val Ala Arg Glu Lys Ile Thr Met Ser Arg Glu Leu Gly Gln Gly

995 1000 1005

Ser Phe Gly Met Val Tyr Glu Gly Val Ala Lys Gly Val Val Lys Asp

1010 1015 1020

Glu Pro Glu Thr Arg Val Ala Ile Lys Thr Val Asn Glu Ala Ala Ser

1025 1030 1035 1040

Met Arg Glu Arg Ile Glu Phe Leu Asn Glu Ala Ser Val Met Lys Glu

1045 1050 1055

Phe Asn Cys His His Val Val Arg Leu Leu Gly Val Val Ser Gln Gly

1060 1065 1070

Gln Pro Thr Leu Val Ile Met Glu Leu Met Thr Arg Gly Asp Leu Lys

1075 1080 1085

Ser Tyr Leu Arg Ser Leu Arg Pro Glu Met Glu Asn Asn Pro Val Leu

1090 1095 1100

Ala Pro Pro Ser Leu Ser Lys Met Ile Gln Met Ala Gly Glu Ile Ala

1105 1110 1115 1120

Asp Gly Met Ala Tyr Leu Asn Ala Asn Lys Phe Val His Arg Asp Leu

1125 1130 1135

Ala Ala Arg Asn Cys Met Val Ala Glu Asp Phe Thr Val Lys Ile Gly

1140 1145 1150

Asp Phe Gly Met Thr Arg Asp Ile Tyr Glu Thr Asp Tyr Tyr Arg Lys

1155 1160 1165

Gly Gly Lys Gly Leu Leu Pro Val Arg Trp Met Ser Pro Glu Ser Leu

1170 1175 1180

Lys Asp Gly Val Phe Thr Thr Tyr Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val

1185 1190 1195 1200

Val Leu Trp Glu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Gln Pro Tyr Gln Gly Leu

1205 1210 1215

Ser Asn Glu Gln Val Leu Arg Phe Val Met Glu Gly Gly Leu Leu Asp

1220 1225 1230

Lys Pro Asp Asn Cys Pro Asp Met Leu Phe Glu Leu Met Arg Met Cys

1235 1240 1245

Trp Gln Tyr Asn Pro Lys Met Arg Pro Ser Phe Leu Glu Ile Ile Ser

1250 1255 1260

Ser Ile Lys Asp Glu Met Glu Pro Gly Phe Arg Glu Val Ser Phe Tyr

1265 1270 1275 1280

Tyr Ser Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Pro Glu Glu Leu Asp Leu Glu

1285 1290 1295

Pro Glu Asn Met Glu Ser Val Pro Leu Asp Pro Ser Ala Ser Ser Ser

1300 1305 1310

Ser Leu Pro Leu Pro Asp Arg His Ser Gly His Lys Ala Glu Asn Gly

1315 1320 1325

Pro Gly Pro Gly Val Leu Val Leu Arg Ala Ser Phe Asp Glu Arg Gln

1330 1335 1340

Pro Tyr Ala His Met Asn Gly Gly Arg Lys Asn Glu Arg Ala Leu Pro

1345 1350 1355 1360

Leu Pro Gln Ser Ser Thr Cys

1365

<210> 2015

<211> 130

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> IGF1R2-H

<400> 2015

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Ala Pro Leu Arg Phe Leu Glu Trp Ser Thr Gln Asp His Tyr

100 105 110

Tyr Tyr Tyr Tyr Met Asp Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr Val

115 120 125

Ser Ser

130

<210> 2016

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-HCDR1

<400> 2016

Ser Tyr Ala Ile Ser

1 5

<210> 2017

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-HCDR2

<400> 2017

Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 2018

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> IGF1R2-HCDR3

<400> 2018

Ala Pro Leu Arg Phe Leu Glu Trp Ser Thr Gln Asp His Tyr Tyr Tyr

1 5 10 15

Tyr Tyr Met Asp Val

20

<210> 2019

<211> 390

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-H

<400> 2019

gaggtgcaac tagtccagag cggagcggag gtgaagaaac ctggatccag cgtgaaagtg 60

agctgtaagg ctagcggagg cacattctcc tcgtatgcca ttagctgggt tagacaagca 120

cctggacaag gactggagtg gatgggaggg ataatcccaa tcttcggaac tgccaactac 180

gcacagaagt tccaaggacg ggtcaccatc actgcggata agtccacctc gactgcctac 240

atggagctca gtagcttacg gagcgaagac acagccgtat actattgcgc acgagcaccc 300

ctaagattcc tggagtggag cacgcaggat cactattact attactacat ggacgtgtgg 360

ggaaagggaa cgactgtcac cgtttcaagc 390

<210> 2020

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-L

<400> 2020

Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln

1 5 10 15

Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala

20 25 30

Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Ile Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Gly Glu Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Gly Ser Gly Gln His

85 90 95

Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 2021

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-LCDR1

<400> 2021

Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala Thr

1 5 10

<210> 2022

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-LCDR2

<400> 2022

Gly Glu Asn Lys Arg Pro Ser

1 5

<210> 2023

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-LCDR3

<400> 2023

Lys Ser Arg Asp Gly Ser Gly Gln His Leu Val

1 5 10

<210> 2024

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-L

<400> 2024

agctcggaat tgacccagga tcctgctgta tccgtcgctc tcggacaaac cgtgcgcata 60

acatgtcaag gggactccct gaggagctac tacgccacat ggtaccagca aaaacccgga 120

caagctccaa tcctggtgat ttatggcgaa aacaagcgtc cctcagggat cccagacagg 180

tttagcggaa gttcgagcgg caatactgcc agtctgacga ttaccggagc tcaagctgag 240

gatgaagccg actactattg caaatcacgc gacggaagcg gccagcacct ggtgtttggt 300

ggcgggacaa agctgaccgt tttg 324

<210> 2025

<211> 253

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-HL

<400> 2025

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Ala Pro Leu Arg Phe Leu Glu Trp Ser Thr Gln Asp His Tyr
100 105 110

Tyr Tyr Tyr Tyr Met Asp Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr Val
115 120 125

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
130 135 140

Ser Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly
145 150 155 160

Gln Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr
165 170 175

Ala Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Ile Leu Val Ile
180 185 190

Tyr Gly Glu Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly
195 200 205

Ser Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala
210 215 220

Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Gly Ser Gly Gln

225 230 235 240

His Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245 250

<210> 2026

<211> 759

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2-HL

<400> 2026

gaggtgcaac tagtccagag cggagcggag gtgaagaaac ctggatccag cgtgaaagtg 60

agctgtaagg ctagcggagg cacattctcc tcgtatgcca ttagctgggt tagacaagca 120

cctggacaag gactggagtg gatgggaggg ataatcccaa tcttcggaac tgccaactac 180

gcacagaagt tccaaggacg ggtcaccatc actgcggata agtccacctc gactgcctac 240

atggagctca gtagcttacg gagcgaagac acagccgtat actattgcgc acgagcaccc 300

ctaagattcc tggagtggag cacgcaggat cactattact attactacat ggacgtgtgg 360

ggaaagggaa cgactgtcac cgtttcaagc ggtggaggtg gaagtggtgg aggagggagc 420

ggtgggggag gatcaagctc ggaattgacc caggatcctg ctgtatccgt cgctctcgga 480

caaaccgtgc gcataacatg tcaaggggac tccctgagga gctactacgc cacatggtac 540

cagcaaaaac ccggacaagc tccaatcctg gtgatttatg gcgaaaacaa gcgtccctca 600

gggatcccag acaggtttag cggaagttcg agcggcaata ctgccagtct gacgattacc 660

ggagctcaag ctgaggatga agccgactac tattgcaaat cacgcgacgg aagcggccag 720

cacctggtgt ttggtggcgg gacaaagctg accgttttg 759

<210> 2027

<211> 508

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2HLxI2CHL

<400> 2027

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ser
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Ala Ser Gly Gly Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Ala Ile Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Ile Pro Ile Phe Gly Thr Ala Asn Tyr Ala Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ser Thr Ala 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 Ala Pro Leu Arg Phe Leu Glu Trp Ser Thr Gln Asp His Tyr
100 105 110

Tyr Tyr Tyr Tyr Met Asp Val Trp Gly Lys Gly Thr Thr Val Thr Val
115 120 125

Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
130 135 140

Ser Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly
145 150 155 160

Gln Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr

165 170 175

Ala Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Ile Leu Val Ile

180 185 190

Tyr Gly Glu Asn Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly

195 200 205

Ser Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala

210 215 220

Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Lys Ser Arg Asp Gly Ser Gly Gln

225 230 235 240

His Leu Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly

245 250 255

Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln

260 265 270

Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe

275 280 285

Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu

290 295 300

Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr

305 310 315 320

Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser

325 330 335

Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr

340 345 350

Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile

355 360 365

Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

370 375 380

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln

385 390 395 400

Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr

405 410 415

Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn

420 425 430

Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu

435 440 445

Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser

450 455 460

Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln

465 470 475 480

Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg

485 490 495

Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 2028

<211> 1524

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R2HLxI2CHL

<400> 2028

gaggtgcaac tagtccagag cggagcggag gtgaagaaac ctggatccag cgtgaaagtg 60

agctgtaagg ctagcggagg cacattctcc tcgtatgcca ttagctgggt tagacaagca 120

cctggacaag gactggagtg gatgggaggg ataatcccaa tcttcggaac tgccaactac 180

gcacagaagt tccaaggacg ggtcaccatc actgcggata agtccacctc gactgcctac 240

atggagctca gtagcttacg gagcgaagac acagccgtat actattgcgc acgagcaccc 300

ctaagattcc tggagtggag cacgcaggat cactattact attactacat ggacgtgtgg 360

ggaaagggaa cgactgtcac cgtttcaagc ggtggaggtg gaagtggtgg aggagggagc 420

ggtgggggag gatcaagctc ggaattgacc caggatcctg ctgtatccgt cgctctcgga 480

caaaccgtgc gcataacatg tcaaggggac tccctgagga gctactacgc cacatggtac 540

cagcaaaaac ccggacaagc tccaatcctg gtgatttatg gcgaaaacaa gcgtccctca 600

gggatcccag acaggtttag cggaagttcg agcggcaata ctgccagtct gacgattacc 660

ggagctcaag ctgaggatga agccgactac tattgcaaat cacgcgacgg aagcggccag 720

cacctggtgt ttggtggcgg gacaaagctg accgttttgt ccggaggtgg tggatccgag 780

gtgcagctgg tcgagtctgg aggaggattg gtgcagcctg gagggtcatt gaaactctca 840

tgtgcagcct ctggattcac cttcaataag tacgccatga actgggtccg ccaggctcca 900

ggaaagggtt tggaatgggt tgctcgcata agaagtaaat ataataatta tgcaacatat 960

tatgccgatt cagtgaaaga caggttcacc atctccagag atgattcaaa aaacactgcc 1020

tatctacaaa tgaacaactt gaagactgag gacactgccg tgtactactg tgtgagacat 1080

gggaacttcg gtaatagcta catatcctac tgggcttact ggggccaagg gactctggtc 1140

accgtctcct caggtggtgg tggttctggc ggcggcggct ccggtggtgg tggttctcag 1200

actgttgtga ctcaggaacc ttcactcacc gtatcacctg gtggaacagt cacactcact 1260

tgtggctcct cgactggggc tgttacatct ggcaactacc caaactgggt ccaacaaaaa 1320

ccaggtcagg caccccgtgg tctaataggt gggactaagt tcctcgcccc cggtactcct 1380

gccagattct caggctccct gcttggaggc aaggctgccc tcaccctctc aggggtacag 1440

ccagaggatg aggcagaata ttactgtgtt ctatggtaca gcaaccgctg ggtgttcggt 1500

ggaggaacca aactgactgt ccta 1524

<210> 2029

<211> 118

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-H

<400> 2029

Gln Val Glu Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Gln Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Ile Ile Trp Phe Asp Gly Ser Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Arg Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Glu Leu Gly Arg Arg Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly Thr

100 105 110

Leu Val Ser Val Ser Ser

115

<210> 2030

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-HCDR1

<400> 2030

Ser Tyr Gly Met His

1 5

<210> 2031

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-HCDR2

<400> 2031

Ile Ile Trp Phe Asp Gly Ser Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Arg

1 5 10 15

Gly

<210> 2032

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-HCDR3

<400> 2032

Glu Leu Gly Arg Arg Tyr Phe Asp Leu

1 5

<210> 2033

<211> 354

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-H

<400> 2033

caggtcgaat tggtggaaag cgggggaggc gtcgttcagc ctggtaggag ccagaggctt 60

agctgtgctg cctccggttt caccttctct agctacggaa tgcactgggt gagacaggca 120

cccggaaaag gactggaatg ggtggccatc atctggttcg acggctcttc cacctactat 180

gccgatagcg tgagaggacg cttcaccatc tcccgtgaca actccaagaa caccctgtac 240

ctccagatga atagcctgcg agctgaggac actgccgtgt acttttgtgc acgggagctg 300

ggacgtaggt actttgatct gtggggaaga ggcacactgg ttagcgttag ctcc 354

<210> 2034

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-L

<400> 2034

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Lys Arg Ala Tyr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Lys Trp Pro Pro

85 90 95

Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ser Lys

100 105

<210> 2035

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-LCDR1

<400> 2035

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 2036

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-LCDR2

<400> 2036

Asp Ala Ser Lys Arg Ala Tyr
1 5

<210> 2037

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-LCDR3

<400> 2037

Gln Gln Arg Ser Lys Trp Pro Pro
1 5

<210> 2038

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-L

<400> 2038

gaaatcgtgc tcacccagag ccctgccaca ttgagccttt cacctggcga gcgagctaca 60

ttgtcatgcc gagctagcca gagcgtgagc tcttacctgg catggtatca gcagaaacct 120

gggcaggctc cacgactgct catctatgac gcctccaagc gagcctatgg gattcctgca 180

aggtttagcg gaagcggaag cggaaccgat ttcaccctga ctatctcctc actcgagcct 240

gaggactttg ccgtgtatta ctgccagcag cggagcaagt ggcctccatg gacattcggc 300

cagggtacca aagtggagag caag 324

<210> 2039

<211> 241

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-HL

<400> 2039

Gln Val Glu Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Gln Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Ile Ile Trp Phe Asp Gly Ser Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Arg Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Glu Leu Gly Arg Arg Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly Thr
100 105 110

Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu
130 135 140

Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln
145 150 155 160

Ser Val Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala
165 170 175

Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Lys Arg Ala Tyr Gly Ile Pro
180 185 190

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile

195 200 205

Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg

210 215 220

Ser Lys Trp Pro Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ser

225 230 235 240

Lys

<210> 2040

<211> 723

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7-HL

<400> 2040

caggtcgaat tggtggaaag cgggggaggc gtcgttcagc ctggtaggag ccagaggctt 60

agctgtgctg cctccggttt caccttctct agctacggaa tgcactgggt gagacaggca 120

cccggaaaag gactggaatg ggtggccatc atctggttcg acggctcttc cacctactat 180

gccgatagcg tgagaggacg cttcaccatc tcccgtgaca actccaagaa caccctgtac 240

ctccagatga atagcctgcg agctgaggac actgccgtgt acttttgtgc acgggagctg 300

ggacgtaggt actttgatct gtggggaaga ggcacactgg ttagcgttag ctccggcgga 360

gggggaagcg gaggcggagg tagcgggggga ggtggaagcg aaatcgtgct cacccagagc 420

cctgccacat tgagcctttc acctggcgag cgagctacat tgtcatgccg agctagccag 480

agcgtgagct cttacctggc atggtatcag cagaaacctg ggcaggctcc acgactgctc 540

atctatgacg cctccaagcg agcctatggg attcctgcaa ggtttagcgg aagcggaagc 600

ggaaccgatt tcaccctgac tatctcctca ctcgagcctg aggactttgc cgtgtattac 660

tgccagcagc ggagcaagtg gcctccatgg acattcggcc agggtaccaa agtggagagc 720

aag 723

<210> 2041

<211> 496

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7HLxI2CHL

<400> 2041

Gln Val Glu Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Val Val Gln Pro Gly Arg
1 5 10 15

Ser Gln Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ala Ile Ile Trp Phe Asp Gly Ser Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Arg Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Glu Leu Gly Arg Arg Tyr Phe Asp Leu Trp Gly Arg Gly Thr
100 105 110

Leu Val Ser Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu
130 135 140

Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln
145 150 155 160

Ser Val Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala

165 170 175

Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Lys Arg Ala Tyr Gly Ile Pro
180 185 190

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile
195 200 205

Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg
210 215 220

Ser Lys Trp Pro Pro Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ser

225 230 235 240

Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly
245 250 255
Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser
260 265 270
Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro
275 280 285
Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn
290 295 300

Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser
305 310 315 320
Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys
325 330 335
Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly
340 345 350
Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val
355 360 365
Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

370 375 380
Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser
385 390 395 400
Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val
405 410 415
Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala
420 425 430
Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro
435 440 445

Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu
450 455 460
Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp
465 470 475 480
Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
485 490 495

<210> 2042

<211> 1488

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R7HLxI2CHL

<400> 2042

caggtcgaat tggtggaaag cgggggaggc gtcgttcagc ctggtaggag ccagaggctt 60

agctgtgctg cctccggttt caccttctct agctacggaa tgcactgggt gagacaggca 120

cccggaaaag gactggaatg ggtggccatc atctggttcg acggctcttc cacctactat 180

gccgatagcg tgagaggacg cttcaccatc tcccgtgaca actccaagaa caccctgtac 240

ctccagatga atagcctgcg agctgaggac actgccgtgt acttttgtgc acgggagctg 300

ggacgtaggt actttgatct gtggggaaga ggcacactgg ttagcgttag ctccggcgga 360

gggggaagcg gaggcggagg tagcgggggga ggtggaagcg aaatcgtgct cacccagagc 420

cctgccacat tgagcctttc acctggcgag cgagctacat tgtcatgccg agctagccag 480

agcgtgagct cttacctggc atggtatcag cagaaacctg ggcaggctcc acgactgctc 540

atctatgacg cctccaagcg agcctatggg attcctgcaa ggtttagcgg aagcggaagc 600

ggaaccgatt tcaccctgac tatctcctca ctcgagcctg aggactttgc cgtgtattac 660

tgccagcagc ggagcaagtg gcctccatgg acattcggcc agggtaccaa agtggagagc 720

aagtccggag gtggtggatc cgaggtgcag ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag 780

cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca gcctctggat tcaccttcaa taagtacgcc 840

atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt 900

aaatataata attatgcaac atattatgcc gattcagtga aagacaggtt caccatctcc 960

agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta caaatgaaca acttgaagac tgaggacact 1020

gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac ttcggtaata gctacatatc ctactgggct 1080

tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc 1140

ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt gtgactcagg aaccttcact caccgtatca 1200

cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc tcctcgactg gggctgttac atctggcaac 1260

tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt caggcacccc gtggtctaat aggtgggact 1320

aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct 1380

gccctcaccc tctcaggggt acagccagag gatgaggcag aatattactg tgttctatgg 1440

tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga accaaactga ctgtccta 1488

<210> 2043

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-H

<400> 2043

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 Ile Tyr
20 25 30

Arg Met Gln Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Gly Ile Ser Pro Ser Gly Gly Thr Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Trp Ser Gly Gly Ser Gly Tyr Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 2044

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-HCDR1

<400> 2044

Ile Tyr Arg Met Gln
1 5

<210> 2045

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-HCDR2

<400> 2045

Gly Ile Ser Pro Ser Gly Gly Thr Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 2046

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-HCDR3

<400> 2046

Trp Ser Gly Gly Ser Gly Tyr Ala Phe Asp Ile

1 5 10

<210> 2047

<211> 360

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-H

<400> 2047

gaagttcagc tgctcgagag cggaggtgga cttgtgcagc ctgggggatc actgagattg 60

tcatgcgcag ctagcggctt taccttctcc atctatcgca tgcagtgggt tcgacaggca 120

cccggaaagg gattggaatg ggtctccggc attagcccta gcgggggaac aacctggtat 180

gccgatagcg tgaagggcag gttcaccatc tctagggaca acagcaaaaa tactctgtac 240

ctgcagatga actccctgcg tgccgaggat actgccgtct actactgtgc tcgatggtcc 300

ggtggctccg gctatgcctt cgatatctgg ggacagggta caatggtgac tgtgagtagc 360

360

<210> 2048

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-L

<400> 2048

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Arg Asp Ile Arg Asn Tyr
20 25 30
Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Gln Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Gly Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe Thr Ile Gly Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asp Ser Leu Pro His
85 90 95
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 2049
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R9-LCDR1
<400> 2049
Gln Ala Ser Arg Asp Ile Arg Asn Tyr Leu Asn
1 5 10

<210> 2050

<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R9-LCDR2
<400> 2050
Asp Ala Ser Ser Leu Gln Thr
1 5

<210> 2051

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-LCDR3

<400> 2051

Gln Gln Phe Asp Ser Leu Pro His Thr

1 5

<210> 2052

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-L

<400> 2052

gacattcaga tgacccagag cccattgtca ctgtcagctt ccgtgggcga tcgggtgacc 60

attacatgcc aggcttcacg cgacatcagg aactacctga actggtatca gcagaagcct 120

ggcaaagccc ccaagctcct tatctacgac gcaagctcac tgcagactgg tgttccctca 180

agattcggtg gaagcgggag tggcaccgac tttagcttta ccatcggctc tctgcagcct 240

gaggacatcg ccacatatta ctgccagcag tttgactccc tgccacacac atttggccag 300

ggcaccaaac tggagatcaa g 321

<210> 2053

<211> 242

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-HL

<400> 2053

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 Ile Tyr

20 25 30

Arg Met Gln Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Gly Ile Ser Pro Ser Gly Gly Thr Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Trp Ser Gly Gly Ser Gly Tyr Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Leu

130 135 140

Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala

145 150 155 160

Ser Arg Asp Ile Arg Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

165 170 175

Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Gln Thr Gly

180 185 190

Val Pro Ser Arg Phe Gly Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe

195 200 205

Thr Ile Gly Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

210 215 220

Gln Phe Asp Ser Leu Pro His Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu

225 230 235 240

Ile Lys

<210> 2054

<211> 726

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9-HL

<400> 2054

gaagttcagc tgctcgagag cggaggtgga cttgtgcagc ctgggggatc actgagattg 60

tcatgcgcag ctagcggctt taccttctcc atctatcgca tgcagtgggt tcgacaggca 120

cccggaaagg gattggaatg ggtctccggc attagcccta gcgggggaac aacctggtat 180

gccgatagcg tgaagggcag gttcaccatc tctagggaca acagcaaaaa tactctgtac 240

ctgcagatga actccctgcg tgccgaggat actgccgtct actactgtgc tcgatggtcc 300

ggtggctccg gctatgcctt cgatatctgg ggacagggta caatggtgac tgtgagtagc 360

ggaggggggag gtagcggagg aggtggaagt ggcggaggtg gaagcgacat tcagatgacc 420

cagagcccat tgtcactgtc agcttccgtg ggcgatcggg tgaccattac atgccaggct 480

tcacgcgaca tcaggaacta cctgaactgg tatcagcaga agcctggcaa agcccccaag 540

ctccttatct acgacgcaag ctcactgcag actggtgttc cctcaagatt cggtggaagc 600

gggagtggca ccgactttag ctttaccatc ggctctctgc agcctgagga tcgccacca 660

tattactgcc agcagtttga ctccctgcca cacacatttg gccagggcac caaactggag 720

atcaag 726

<210> 2055

<211> 497

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9HLxI2CHL

<400> 2055

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 Ile Tyr

20 25 30

Arg Met Gln Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Gly Ile Ser Pro Ser Gly Gly Thr Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Trp Ser Gly Gly Ser Gly Tyr Ala Phe Asp Ile Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
115 120 125
Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Leu
130 135 140
Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala
145 150 155 160
Ser Arg Asp Ile Arg Asn Tyr Leu Asn Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

165 170 175
Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Gln Thr Gly
180 185 190
Val Pro Ser Arg Phe Gly Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Ser Phe
195 200 205
Thr Ile Gly Ser Leu Gln Pro Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln
210 215 220
Gln Phe Asp Ser Leu Pro His Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Leu Glu
225 230 235 240

Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly
245 250 255
Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala
260 265 270
Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala
275 280 285
Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn
290 295 300
Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile

305 310 315 320
Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu
325 330 335
Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe
340 345 350
Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
355 360 365

Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val

385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala

405 410 415

Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln

420 425 430

Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr

435 440 445

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr

450 455 460

Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu

465 470 475 480

Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

485 490 495

Leu

<210> 2056

<211> 1491

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R9HLxI2CHL

<400> 2056

gaagttcagc tgctcgagag cggaggtgga cttgtgcagc ctgggggatc actgagattg 60

tcatgcgcag ctagcggctt taccttctcc atctatcgca tgcagtgggt tcgacaggca 120

cccggaaagg gattggaatg ggtctccggc attagcccta gcgggggaac aacctggtat 180

gccgatagcg tgaagggcag gttcaccatc tctagggaca acagcaaaaa tactctgtac 240

ctgcagatga actccctgcg tgccgaggat actgccgtct actactgtgc tcgatggtcc 300

ggtggctccg gctatgcctt cgatatctgg ggacagggta caatggtgac tgtgagtagc 360

ggaggggggag gtagcggagg aggtggaagt ggcggaggtg gaagcgacat tcagatgacc 420

cagagcccat tgtcactgtc agcttccgtg ggcgatcggg tgaccattac atgccaggct 480

tcacgcgaca tcaggaacta cctgaactgg tatcagcaga agcctggcaa agcccccaag 540

ctccttatct acgacgcaag ctcactgcag actggtgttc cctcaagatt cggtggaagc 600

gggagtggca ccgactttag ctttaccatc ggctctctgc agcctgagga catcgccaca 660

tattactgcc agcagtttga ctccctgcca cacacatttg gccagggcac caaactggag 720

atcaagtccg gaggtggtgg atccgaggtg cagctggtcg agtctggagg aggattggtg 780

cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt gcagcctctg gattcacctt caataagtac 840

gccatgaact gggtccgcca ggctccagga aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga 900

agtaaatata ataattatgc aacatattat gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc 960

tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat ctacaaatga acaacttgaa gactgaggac 1020

actgccgtgt actactgtgt gagacatggg aacttcggta atagctacat atcctactgg 1080

gcttactggg gccaagggac tctggtcacc gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc 1140

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta 1200

tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc 1260

aactacccaa actgggtcca acaaaaacca ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg 1320

actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc agattctcag gctccctgct tggaggcaag 1380

gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta 1440

tggtacagca accgctgggt gttcggtgga ggaaccaaac tgactgtcct a 1491

<210> 2057

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-H

<400> 2057

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

His Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Val Ile Ser Pro Thr Gly Gly Arg Thr Thr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ala Gly Tyr Ser Tyr Gly Tyr Gly Tyr Phe Asp Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 2058

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-HCDR1

<400> 2058

Asn Tyr His Met Ala

1 5

<210> 2059

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-HCDR2

<400> 2059

Val Ile Ser Pro Thr Gly Gly Arg Thr Thr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 2060

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-HCDR3

<400> 2060

Ala Gly Tyr Ser Tyr Gly Tyr Gly Tyr Phe Asp Tyr

1 5 10

<210> 2061

<211> 363

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-H

<400> 2061

gaagtgcagc tcttggagag cggaggggga cttgtgcagc ctggcggatc cttgagactt 60

tcttgcgctg cctccggttt caccttctca aattaccaca tggcctgggt gagacaggct 120

cctggaaaag ggctcgaatg ggtttccgtg attagcccaa ccggagggag gaccacatat 180

gccgatagcg tcaaggggag gtttacaatc agccgtgaca actccaagaa caccctgtac 240

ctccagatga actcactgcg agccgaggat actgcaacct actactgcgc tcgagccgga 300

tactcatacg gctatggcta cttcgactac tggggacagg gaacactggt gaccgttagt 360

agc 363

<210> 2062

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-L

<400> 2062

Asp Ile Gln Met Thr Gln Phe Pro Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Met Arg Asn

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Arg Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Lys Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Ala Phe Thr Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Pro

65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys His Gln Arg Ser Thr Trp Pro Leu

85 90 95

Gly Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Leu Glu Ala Lys

100 105

<210> 2063

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-LCDR1

<400> 2063

Arg Ala Ser Gln Ser Val Met Arg Asn Leu Ala

1 5 10

<210>

2064

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-LCDR2

<400> 2064

Gly Ala Ser Lys Arg Ala Thr

1 5

<210> 2065

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-LCDR3

<400> 2065

His Gln Arg Ser Thr Trp Pro Leu Gly Thr

1 5 10

<210> 2066

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-L

<400> 2066

gatattcaga tgacccagtt ccctgcaacc ttgagcgtgt cacctggcga aagagccaca 60

ctgtcttgcc gagcaagcca gagcgtgatg cggaacctgg catggtacca gcagaaacct 120

ggccagcctc cacgactgct gatctatgga gctagcaaaa gagccaccgg aatccccgct 180

aggtttagcg gaagcggaag cggaactgcc tttaccctga ccatctccaa tctcgagcct 240

gaggactttg ccgtctacta ctgtcaccag cgtagcactt ggcctctggg gacatttgga 300

cctggcacaa agctggaagc taag 324

<210> 2067

<211> 244

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-HL

<400> 2067

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

His Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Val Ile Ser Pro Thr Gly Gly Arg Thr Thr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ala Gly Tyr Ser Tyr Gly Tyr Gly Tyr 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 Phe Pro
130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Met Arg Asn Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Gly Gln Pro Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Lys Arg Ala Thr

180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ala Phe Thr

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys

210 215 220

His Gln Arg Ser Thr Trp Pro Leu Gly Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys

225 230 235 240

Leu Glu Ala Lys

<210> 2068

<211> 732

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10-HL

<400> 2068

gaagtgcagc tcttggagag cggaggggga cttgtgcagc ctggcggatc cttgagactt 60

tcttgcgctg cctccggttt caccttctca aattaccaca tggcctgggt gagacaggct 120

cctggaaaag ggctcgaatg ggtttccgtg attagcccaa ccggagggag gaccacatat 180

gccgatagcg tcaaggggag gtttacaatc agccgtgaca actccaagaa caccctgtac 240

ctccagatga actcactgcg agccgaggat actgcaacct actactgcgc tcgagccgga 300

tactcatacg gctatggcta cttcgactac tggggacagg gaacactggt gaccgttagt 360

agcggagggg gaggttctgg cggaggtgga agcgggggcg ggggaagcga tattcagatg 420

acccagttcc ctgcaacctt gagcgtgtca cctggcgaaa gagccacact gtcttgccga 480

gcaagccaga gcgtgatgcg gaacctggca tggtaccagc agaaacctgg ccagcctcca 540

cgactgctga tctatggagc tagcaaaaga gccaccggaa tccccgctag gtttagcgga 600

agcggaagcg gaactgcctt taccctgacc atctccaatc tcgagcctga ggactttgcc 660

gtctactact gtcaccagcg tagcacttgg cctctgggga catttggacc tggcacaaag 720

ctggaagcta ag 732

<210> 2069

<211> 499

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10HLxI2CHL

<400> 2069

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

His Met Ala Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Val Ile Ser Pro Thr Gly Gly Arg Thr Thr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ala Gly Tyr Ser Tyr Gly Tyr Gly Tyr 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 Phe Pro
130 135 140

Ala Thr Leu Ser Val Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg
145 150 155 160

Ala Ser Gln Ser Val Met Arg Asn Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175

Gly Gln Pro Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Lys Arg Ala Thr
180 185 190

Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Ala Phe Thr
195 200 205

```
Leu Thr Ile Ser Asn Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys
    210                 215                 220
His Gln Arg Ser Thr Trp Pro Leu Gly Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys
225                 230                 235                 240

Leu Glu Ala Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
                245                 250                 255
Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys
            260                 265                 270
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
        275                 280                 285
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys
    290                 295                 300
Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe

305                 310                 315                 320
Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn
                325                 330                 335
Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
            340                 345                 350
Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
        355                 360                 365
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
    370                 375                 380

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu
385                 390                 395                 400
Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr
                405                 410                 415
Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro
            420                 425                 430
Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro
        435                 440                 445
Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala
```

450 455 460

Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys

465 470 475 480

Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu

485 490 495

Thr Val Leu

<210> 2070

<211> 1497

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R10HLxI2CHL

<400> 2070

gaagtgcagc tcttggagag cggaggggga cttgtgcagc ctggcggatc cttgagactt 60

tcttgcgctg cctccggttt caccttctca aattaccaca tggcctgggt gagacaggct 120

cctggaaaag ggctcgaatg ggtttccgtg attagcccaa ccggagggag gaccacatat 180

gccgatagcg tcaaggggag gtttacaatc agccgtgaca actccaagaa caccctgtac 240

ctccagatga actcactgcg agccgaggat actgcaacct actactgcgc tcgagccgga 300

tactcatacg gctatggcta cttcgactac tggggacagg gaacactggt gaccgttagt 360

agcggagggg gaggttctgg cggaggtgga agcgggggcg ggggaagcga tattcagatg 420

acccagttcc ctgcaacctt gagcgtgtca cctggcgaaa gagccacact gtcttgccga 480

gcaagccaga gcgtgatgcg gaacctggca tggtaccagc agaaacctgg ccagcctcca 540

cgactgctga tctatggagc tagcaaaaga gccaccggaa tccccgctag gtttagcgga 600

agcggaagcg gaactgcctt taccctgacc atctccaatc tcgagcctga ggactttgcc 660

gtctactact gtcaccagcg tagcacttgg cctctgggga catttggacc tggcacaaag 720

ctggaagcta agtccggagg tggtggatcc gaggtgcagc tggtcgagtc tggaggagga 780

ttggtgcagc ctggagggtc attgaaactc tcatgtgcag cctctggatt caccttcaat 840

aagtacgcca tgaactgggt ccgccaggct ccaggaaagg gtttggaatg ggttgctcgc 900

ataagaagta aatataataa ttatgcaaca tattatgccg attcagtgaa agacaggttc 960

accatctcca gagatgattc aaaaaacact gcctatctac aaatgaacaa cttgaagact 1020

gaggacactg ccgtgtacta ctgtgtgaga catgggaact tcggtaatag ctacatatcc 1080

tactgggctt actggggcca agggactctg gtcaccgtct cctcaggtgg tggtggttct 1140

ggcggcggcg gctccggtgg tggtggttct cagactgttg tgactcagga accttcactc 1200

accgtatcac ctggtggaac agtcacactc acttgtggct cctcgactgg ggctgttaca 1260

tctggcaact acccaaactg ggtccaacaa aaaccaggtc aggcaccccg tggtctaata 1320

ggtgggacta agttcctcgc ccccggtact cctgccagat tctcaggctc cctgcttgga 1380

ggcaaggctg ccctcaccct ctcaggggta cagccagagg atgaggcaga atattactgt 1440

gttctatggt acagcaaccg ctgggtgttc ggtggaggaa ccaaactgac tgtccta 1497

<210> 2071

<211> 119

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-H

<400> 2071

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 Lys Tyr
20 25 30

Met Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Tyr Ile Ser Pro Ser Gly Gly Leu Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Glu Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Gly Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110

Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 2072

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-HCDR1

<400> 2072

Lys Tyr Met Met Ser

1 5

<210> 2073

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-HCDR2

<400> 2073

Tyr Ile Ser Pro Ser Gly Gly Leu Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 2074

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-HCDR3

<400> 2074

Asp Gly Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 2075

<211> 357

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-H

<400> 2075

gaggtccagc tgttggaaag cggaggcgga ctcgtgcagc ctggcggatc tttgcgactt 60

tcctgtgctg cctccggttt caccttctcc aagtacatga tgagctgggt gagacaggca 120

ccaggcaaag gactggaatg ggtgagctac attagcccat ctggcggact gacatggtat 180

gccgatagtg ttaaggggag gttcaccatc agtagggaca atagcaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga actcactgcg agaggctgat actgccgtgt attactgcgc aagggatgga 300

gctagaggct atggaatgga cgtgtgggga cagggaacaa ccgtcaccgt gagcagt 357

<210> 2076

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-L

<400> 2076

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly
1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile Pro Ala Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Glu Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Asn Trp Pro Pro
85 90 95

Glu Val Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val Asp Ile Lys
100 105

<210> 2077

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-LCDR1

<400> 2077

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 2178

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-LCDR2

<400> 2078

Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr

1 5

<210> 2079

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-LCDR3

<400> 2079

Gln Gln Arg Ser Asn Trp Pro Pro Glu Val Thr

1 5 10

<210> 2080

<211> 327

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-L

<400> 2080

gacattcaga tgacacagag ccctgccaca ctgagcctgt cacctggaga gcgagctaca 60

ttgagctgtc gcgctagcca gagcgtgtct tcctatcttg cctggtacca gcagaaacct 120

ggacaggcac caagactcct gatctacgac gcctccaacc gtgcaactgg catccctgct 180

cgcttttctg gctctggctc tgggaccgac tttaccttga ccatctcctc actggaaccc 240

gaggattttg ccgtgtacta ttgccagcag cggagcaatt ggcctcccga agtcactttt 300

ggccctggca ccaaagtgga tatcaag 327

<210> 2081

<211> 243

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-HL

<400> 2081

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 Lys Tyr
20 25 30
Met Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ser Tyr Ile Ser Pro Ser Gly Gly Leu Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Glu Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95
Ala Arg Asp Gly Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly
100 105 110
Thr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr
130 135 140
Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser
145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln
165 170 175
Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile
180 185 190
Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr
195 200 205
Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln
210 215 220
Arg Ser Asn Trp Pro Pro Glu Val Thr Phe Gly Pro Gly Thr Lys Val

225 230 235 240
Asp Ile Lys

<210> 2082
<211> 729

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11-HL

<400> 2082

gaggtccagc tgttggaaag cggaggcgga ctcgtgcagc ctggcggatc tttgcgactt 60

tcctgtgctg cctccggttt caccttctcc aagtacatga tgagctgggt gagacaggca 120

ccaggcaaag gactggaatg ggtgagctac attagcccat ctggcggact gacatggtat 180

gccgatagtg ttaaggggag gttcaccatc agtagggaca atagcaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga actcactgcg agaggctgat actgccgtgt attactgcgc aagggatgga 300

gctagaggct atggaatgga cgtgtgggga cagggaacaa ccgtcaccgt gagcagtggg 360

ggaggcggaa gcggaggggg aggtagtgga gggggaggct cagacattca gatgacacag 420

agccctgcca cactgagcct gtcacctgga gagcgagcta cattgagctg tcgcgctagc 480

cagagcgtgt cttcctatct tgcctggtac cagcagaaac ctggacaggc accaagactc 540

ctgatctacg acgcctccaa ccgtgcaact ggcatccctg ctcgcttttc tggctctggc 600

tctgggaccg actttacctt gaccatctcc tcactggaac ccgaggattt tgccgtgtac 660

tattgccagc agcggagcaa ttggcctccc gaagtcactt ttggccctgg caccaaagtg 720

gatatcaag 729

<210> 2083

<211> 498

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R11HLxI2CHL

<400> 2083

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 Lys Tyr
20 25 30

Met Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Tyr Ile Ser Pro Ser Gly Gly Leu Thr Trp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Glu Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Ala Arg Gly Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly

100 105 110

Thr Thr 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 Gln Met Thr Gln Ser Pro Ala Thr

130 135 140

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser

145 150 155 160

Gln Ser Val Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

165 170 175

Ala Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Asp Ala Ser Asn Arg Ala Thr Gly Ile

180 185 190

Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

195 200 205

Ile Ser Ser Leu Glu Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

210 215 220

Arg Ser Asn Trp Pro Pro Glu Val 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> 2084
<211> 1494
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R11HLxI2CHL
<400> 2084
gaggtccagc tgttggaaag cggaggcgga ctcgtgcagc ctggcggatc tttgcgactt 60
tcctgtgctg cctccggttt caccttctcc aagtacatga tgagctgggt gagacaggca 120

ccaggcaaag gactggaatg ggtgagctac attagcccat ctggcggact gacatggtat 180

gccgatagtg ttaaggggag gttcaccatc agtagggaca atagcaagaa caccctgtac 240

ctgcagatga actcactgcg agaggctgat actgccgtgt attactgcgc aagggatgga 300

gctagaggct atggaatgga cgtgtgggga cagggaacaa ccgtcaccgt gagcagtggg 360

ggaggcggaa gcggaggggg aggtagtgga gggggaggct cagacattca gatgacacag 420

agccctgcca cactgagcct gtcacctgga gagcgagcta cattgagctg tcgcgctagc 480

cagagcgtgt cttcctatct tgcctggtac cagcagaaac ctggacaggc accaagactc 540

ctgatctacg acgcctccaa ccgtgcaact ggcatccctg ctcgcttttc tggctctggc 600

tctgggaccg actttacctt gaccatctcc tcactggaac ccgaggattt tgccgtgtac 660

tattgccagc agcggagcaa ttggcctccc gaagtcactt ttggccctgg caccaaagtg 720

gatatcaagt ccggaggtgg tggatccgag gtgcagctgg tcgagtctgg aggaggattg 780

gtgcagcctg gagggtcatt gaaactctca tgtgcagcct ctggattcac cttcaataag 840

tacgccatga actgggtccg ccaggctcca ggaaagggtt tggaatgggt tgctcgcata 900

agaagtaaat ataataatta tgcaacatat tatgccgatt cagtgaaaga caggttcacc 960

atctccagag atgattcaaa aaacactgcc tatctacaaa tgaacaactt gaagactgag 1020

gacactgccg tgtactactg tgtgagacat gggaacttcg gtaatagcta catatcctac 1080

tgggcttact ggggccaagg gactctggtc accgtctcct caggtggtgg tggttctggc 1140

ggcggcggct ccggtggtgg tggttctcag actgttgtga ctcaggaacc ttcactcacc 1200

gtatcacctg gtggaacagt cacactcact tgtggctcct cgactggggc tgttacatct 1260

ggcaactacc caaactgggt ccaacaaaaa ccaggtcagg caccccgtgg tctaataggt 1320

gggactaagt tcctcgcccc cggtactcct gccagattct caggctccct gcttggaggc 1380

aaggctgccc tcaccctctc aggggtacag ccagaggatg aggcagaata ttactgtgtt 1440

ctatggtaca gcaaccgctg ggtgttcggt ggaggaacca aactgactgt ccta 1494

<210> 2085

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-H

<400> 2085

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

Pro Met Tyr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Ser Arg Ile Ser Ser Ser Gly Gly Arg Thr Val Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Arg Trp Ser Arg Ser Ala Ala Glu Tyr Gly Leu Gly Gly

100 105 110
Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 2086
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R12-HCDR1
<400> 2086
Asn Tyr Pro Met Tyr
1 5
<210> 2087
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R12-HCDR2
<400> 2087
Arg Ile Ser Ser Ser Gly Gly Arg Thr Val Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15

Gly

<210> 2088

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-HCDR3

<400> 2088

Asp Arg Trp Ser Arg Ser Ala Ala Glu Tyr Gly Leu Gly Gly Tyr

1 5 10 15

<210> 2089

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-H

<400> 2089

gaagtccagc tccttgaaag cggtggcgga ttggtccagc ctggaggctc tttgagactc 60

tcctgtgccg catcaggctt caccttttcc aactatccta tgtactgggt tcgccaggct 120

cctggaaaag gcttggaatg ggtgtcacgg attagctcta gcgggggaag gactgtctat 180

gccgattccg tgaaagggag attcaccatc tctcgggaca atagcaagaa caccctgtat 240

ctccagatga actctcttcg tgccgaagac actgccgtgt attactgcgc acgagaccga 300

tggagccgat cagcagctga atacggcttg ggaggctact ggggtcaggg aactcttgtg 360

actgtctcta gc 372

<210> 2090

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-L

<400> 2090

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser

20 25 30

Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln

35 40 45

Pro Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Leu Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val

50 55 60

Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr

65 70 75 80

Ile Ser Ser Leu Gln Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln

85 90 95

Tyr Tyr Ser Thr Trp Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 2091

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-LCDR1

<400> 2091

Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser Ser Asn Asn Lys Asn Tyr Leu

1 5 10 15

Ala

<210> 2092

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-LCDR2

<400> 2092

Leu Ala Ser Thr Arg Glu Ser

1 5

<210> 2093

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-LCDR3

<400> 2093

Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Trp Thr

1 5

<210> 2094

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-L

<400> 2094

gatatccaga tgactcagag ccctgattca ctggcagtgt ctctcggaga acgtgccaca 60

atcaactgca agagtagcca gtccgtcctt tactcctcca acaacaaaaa ctacctcgca 120

tggtaccagc agaaacctgg gcagccaccc aaacttctca tctatcttgc ttccacacgt 180

gagagtggcg tgcctgaccg ttttagcgga tccggtagcg gaacagattt cactctcaca 240

atctcaagcc tgcaggctga agatgtcgca gtctactatt gccagcagta ttactcaacc 300

tggacattcg gacaggggac aaaagtggag atcaaa 336

<210> 2095

<211> 251

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12-HL

<400> 2095

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

Pro Met Tyr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Arg Ile Ser Ser Ser Gly Gly Arg Thr Val Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Asp Arg Trp Ser Arg Ser Ala Ala Glu Tyr Gly Leu Gly Gly
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125
Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr
130 135 140

Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile
145 150 155 160
Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser Ser Asn Asn Lys Asn
165 170 175
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu
180 185 190
Ile Tyr Leu Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln

210 215 220
Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Trp
225 230 235 240
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
245 250

<210> 2096
<211> 753
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R12-HL
<400> 2096

gaagtccagc tccttgaaag cggtggcgga ttggtccagc ctggaggctc tttgagactc 60
tcctgtgccg catcaggctt caccttttcc aactatccta tgtactgggt tcgccaggct 120

cctggaaaag gcttggaatg ggtgtcacgg attagctcta gcgggggaag gactgtctat 180
gccgattccg tgaaagggag attcaccatc tctcgggaca atagcaagaa caccctgtat 240
ctccagatga actctcttcg tgccgaagac actgccgtgt attactgcgc acgagaccga 300
tggagccgat cagcagctga atacggcttg ggaggctact ggggtcaggg aactcttgtg 360
actgtctcta gcggaggcgg tggaagcggg ggaggcggat ctggtggagg cggaagcgat 420
atccagatga ctcagagccc tgattcactg gcagtgtctc tcggagaacg tgccacaatc 480

aactgcaaga gtagccagtc cgtcctttac tcctccaaca acaaaaacta cctcgcatgg 540

taccagcaga aacctgggca gccacccaaa cttctcatct atcttgcttc cacacgtgag 600

agtggcgtgc ctgaccgttt tagcggatcc ggtagcggaa cagatttcac tctcacaatc 660

tcaagcctgc aggctgaaga tgtcgcagtc tactattgcc agcagtatta ctcaacctgg 720

acattcggac aggggacaaa agtggagatc aaa 753

<210> 2097

<211> 506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12HLxI2CHL

<400> 2097

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

Pro Met Tyr Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Arg Ile Ser Ser Ser Gly Gly Arg Thr Val Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Arg Trp Ser Arg Ser Ala Ala Glu Tyr Gly Leu Gly Gly
100 105 110

Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr
130 135 140

Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly Glu Arg Ala Thr Ile
145 150 155 160

Asn Cys Lys Ser Ser Gln Ser Val Leu Tyr Ser Ser Asn Asn Lys Asn
165 170 175
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Pro Pro Lys Leu Leu
180 185 190
Ile Tyr Leu Ala Ser Thr Arg Glu Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
195 200 205
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln
210 215 220
Ala Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Tyr Ser Thr Trp

225 230 235 240
Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly
245 250 255
Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
260 265 270
Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys
275 280 285
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
290 295 300

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
305 310 315 320
Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
325 330 335
Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val
340 345 350
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr
355 360 365
Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

370 375 380
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val
385 390 395 400
Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr
405 410 415

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro
420 425 430
Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly
435 440 445

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser
450 455 460
Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu
465 470 475 480
Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val
485 490 495
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 2098

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R12HLxI2CHL

<400> 2098

gaagtccagc tccttgaaag cggtggcgga ttggtccagc ctggaggctc tttgagactc 60

tcctgtgccg catcaggctt caccttttcc aactatccta tgtactgggt tcgccaggct 120

cctggaaaag gcttggaatg ggtgtcacgg attagctcta gcgggggaag gactgtctat 180

gccgattccg tgaaagggag attcaccatc tctcgggaca atagcaagaa caccctgtat 240

ctccagatga actctcttcg tgccgaagac actgccgtgt attactgcgc acgagaccga 300

tggagccgat cagcagctga atacggcttg ggaggctact ggggtcaggg aactcttgtg 360

actgtctcta gcggaggcgg tggaagcggg ggaggcggat ctggtggagg cggaagcgat 420

atccagatga ctcagagccc tgattcactg gcagtgtctc tcggagaacg tgccacaatc 480

aactgcaaga gtagccagtc cgtcctttac tcctccaaca acaaaaacta cctcgcatgg 540

taccagcaga aacctgggca gccacccaaa cttctcatct atcttgcttc cacacgtgag 600

agtggcgtgc ctgaccgttt tagcggatcc ggtagcggaa cagatttcac tctcacaatc 660

tcaagcctgc aggctgaaga tgtcgcagtc tactattgcc agcagtatta ctcaacctgg 720

acattcggac aggggacaaa agtggagatc aaatccggag gtggtggatc cgaggtgcag 780

ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca 840

gcctctggat tcaccttcaa taagtacgcc atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag 900

ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt aaatataata attatgcaac atattatgcc 960

gattcagtga aagacaggtt caccatctcc agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta 1020

caaatgaaca acttgaagac tgaggacact gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac 1080

ttcggtaata gctacatatc ctactgggct tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc 1140

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt 1200

gtgactcagg aaccttcact caccgtatca cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc 1260

tcctcgactg gggctgttac atctggcaac tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt 1320

caggcacccc gtggtctaat aggtgggact aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga 1380

ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct gccctcaccc tctcaggggt acagccagag 1440

gatgaggcag aatattactg tgttctatgg tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga 1500

accaaactga ctgtccta 1518

<210> 2099

<211> 128

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-H

<400> 2099

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Thr Ile Ser Cys Lys Gly Pro Gly Tyr Asn Phe Phe Asn Tyr
20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Thr Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ser Ile Arg Tyr Cys Pro Gly Gly Arg Cys Tyr Ser Gly Tyr

100 105 110

Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 2100

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-HCDR1

<400> 2100

Asn Tyr Trp Ile Gly

1 5

<210> 2101

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-HCDR2

<400> 2101

Ile Ile Tyr Pro Thr Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 2102

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-HCDR3

<400> 2102

Ser Ile Arg Tyr Cys Pro Gly Gly Arg Cys Tyr Ser Gly Tyr Tyr Gly

1 5 10 15

Met Asp Val

<210> 2103

<211> 384

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-H

<400> 2103

gaagtccagt tggtgcagag tggtgccgaa gtcaaaaagc ctggcgagag cctgaccatc 60

tcatgtaagg gtcctggcta caacttcttc aactactgga tcggatgggt gcgacagatg 120

cctggaaaag ggctcgaatg gatgggcatt atctatccca ccgactccga cacacggtat 180

tccccatcat ttcagggaca ggtcaccatc tccgttgaca agagcatctc caccgcttat 240

ctccagtgga gttccctgaa agcctccgac accgcaatgt attactgcgc acgtagtatc 300

cgttactgcc caggaggcag atgctatagc ggatattacg gcatggacgt ttggggacag 360

ggaacaatgg tgactgtgag ctca 384

<210> 2104

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-L

<400> 2104

Ser Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln

1 5 10 15

Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala

20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr

35 40 45

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser

50 55 60

Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu

65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn His

85 90 95

Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 2105

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-LCDR1

<400> 2105

Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala Ser

1 5 10

<210> 2106

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-LCDR2

<400> 2106

Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser

1 5

<210> 2107

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-LCDR3

<400> 2107

Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn His Val Val

1 5 10

<210> 2108

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-L

<400> 2108

tcaagcgaac tgactcagga tccagctgtt tctgtcgcct tgggacagac tgtgcgcatt 60

acatgtcagg gtgatagctt gcgtagctac tacgcttcat ggtaccagca gaagcctgga 120

caggcacctg tcctggtgat ctacggcaag aacaataggc caagcggtat tcccgatcgg 180

ttttctggat cctcatccgg caatactgcc tctctgacaa tcaccggtgc tcaggctgaa 240

gatgaggctg actactactg caactcccga gattctagcg gaaatcacgt ggtcttcgga 300

ggtgggacaa aacttaccgt gctc 324

<210> 2109

<211> 251

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-HL

<400> 2109

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Thr Ile Ser Cys Lys Gly Pro Gly Tyr Asn Phe Phe Asn Tyr
20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Thr Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Ile Arg Tyr Cys Pro Gly Gly Arg Cys Tyr Ser Gly Tyr
100 105 110

Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser
130 135 140

Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln Thr
145 150 155 160

Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala Ser
165 170 175

Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr Gly
180 185 190

Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser

195 200 205

Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp

210 215 220

Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn His Val

225 230 235 240

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245 250

<210> 2110

<211> 753

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13-HL

<400> 2110

gaagtccagt tggtgcagag tggtgccgaa gtcaaaaagc ctggcgagag cctgaccatc 60

tcatgtaagg gtcctggcta caacttcttc aactactgga tcggatgggt gcgacagatg 120

cctggaaaag ggctcgaatg gatgggcatt atctatccca ccgactccga cacacggtat 180

tccccatcat ttcagggaca ggtcaccatc tccgttgaca agagcatctc caccgcttat 240

ctccagtgga gttccctgaa agcctccgac accgcaatgt attactgcgc acgtagtatc 300

cgttactgcc caggaggcag atgctatagc ggatattacg gcatggacgt ttggggacag 360

ggaacaatgg tgactgtgag ctcaggaggg ggaggctctg gtgggggagg ttctggaggt 420

ggaggctctt caagcgaact gactcaggat ccagctgttt ctgtcgcctt gggacagact 480

gtgcgcatta catgtcaggg tgatagcttg cgtagctact acgcttcatg gtaccagcag 540

aagcctggac aggcacctgt cctggtgatc tacggcaaga acaataggcc aagcggtatt 600

cccgatcggt tttctggatc ctcatccggc aatactgcct ctctgacaat caccggtgct 660

caggctgaag atgaggctga ctactactgc aactcccgag attctagcgg aaatcacgtg 720

gtcttcggag gtgggacaaa acttaccgtg ctc 753

<210> 2111

<211> 506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13HLxI2CHL

<400> 2111

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Thr Ile Ser Cys Lys Gly Pro Gly Tyr Asn Phe Phe Asn Tyr
20 25 30

Trp Ile Gly Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Ile Ile Tyr Pro Thr Asp Ser Asp Thr Arg Tyr Ser Pro Ser Phe
50 55 60

Gln Gly Gln Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ser Ile Arg Tyr Cys Pro Gly Gly Arg Cys Tyr Ser Gly Tyr
100 105 110

Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser
130 135 140

Ser Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln Thr
145 150 155 160

Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Ser Tyr Tyr Ala Ser
165 170 175

Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr Gly
180 185 190

Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Ser
195 200 205

Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu Asp
210 215 220

Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Asn Ser Arg Asp Ser Ser Gly Asn His Val
225 230 235 240

Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly
245 250 255
Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
260 265 270
Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys
275 280 285
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
290 295 300
Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala

305 310 315 320
Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
325 330 335
Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val
340 345 350
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr
355 360 365
Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val
385 390 395 400
Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr
405 410 415
Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro
420 425 430
Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly
435 440 445
Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser

450 455 460
Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu
465 470 475 480
Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val
485 490 495

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

500 505

<210> 2112

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R13HLxI2CHL

<400> 2112

gaagtccagt tggtgcagag tggtgccgaa gtcaaaaagc ctggcgagag cctgaccatc 60

tcatgtaagg gtcctggcta caacttcttc aactactgga tcggatgggt gcgacagatg 120

cctggaaaag ggctcgaatg gatgggcatt atctatccca ccgactccga cacacggtat 180

tccccatcat ttcagggaca ggtcaccatc tccgttgaca agagcatctc caccgcttat 240

ctccagtgga gttccctgaa agcctccgac accgcaatgt attactgcgc acgtagtatc 300

cgttactgcc caggaggcag atgctatagc ggatattacg gcatggacgt ttggggacag 360

ggaacaatgg tgactgtgag ctcaggaggg ggaggctctg gtgggggagg ttctggaggt 420

ggaggctctt caagcgaact gactcaggat ccagctgttt ctgtcgcctt gggacagact 480

gtgcgcatta catgtcaggg tgatagcttg cgtagctact acgcttcatg gtaccagcag 540

aagcctggac aggcacctgt cctggtgatc tacggcaaga acaataggcc aagcggtatt 600

cccgatcggt tttctggatc ctcatccggc aatactgcct ctctgacaat caccggtgct 660

caggctgaag atgaggctga ctactactgc aactcccgag attctagcgg aaatcacgtg 720

gtcttcggag gtgggacaaa acttaccgtg ctctccggag gtggtggatc cgaggtgcag 780

ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca 840

gcctctggat tcaccttcaa taagtacgcc atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag 900

ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt aaatataata attatgcaac atattatgcc 960

gattcagtga aagacaggtt caccatctcc agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta 1020

caaatgaaca acttgaagac tgaggacact gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac 1080

ttcggtaata gctacatatc ctactgggct tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc 1140

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt 1200

gtgactcagg aaccttcact caccgtatca cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc 1260

tcctcgactg gggctgttac atctggcaac tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt 1320

caggcacccc gtggtctaat aggtgggact aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga 1380

ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct gccctcaccc tctcaggggt acagccagag 1440

gatgaggcag aatattactg tgttctatgg tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga 1500

accaaactga ctgtccta 1518

<210> 2113

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-H

<400> 2113

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 Ser Tyr
20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Ser Ser Pro Tyr Ser Ser Arg Trp Tyr Ser Phe Asp Pro Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 2114

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-HCDR1

<400> 2114

Ser Tyr Ala Met Ser

1 5

<210> 2115

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-HCDR2

<400> 2115

Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 2116

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-HCDR3

<400> 2116

Ser Pro Tyr Ser Ser Arg Trp Tyr Ser Phe Asp Pro

1 5 10

<210> 2117

<211> 363

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-H

<400> 2117

gaggttcagc tgctcgaaag cggaggcggt ttggtgcagc ctgggggaag cctgagactt 60

agctgtgctg caagcggatt caccttctcc agctatgcca tgagctgggt gaggcaggcc 120

cctggcaaag gactggagtg ggtgagcgct atctcaggaa gcggcggttc tacctactac 180

gccgatagcg tcaaggggag gttcaccatc agccgtgaca acagcaagaa caccctgtac 240

ctccagatga atagcctgcg tgctgaggac actgccgttt actactgcgc aagctcccca 300

tactcctcac ggtggtatag cttcgatcca tggggacagg ggactatggt gaccgtgagt 360

agt 363

<210> 2118

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-L

<400> 2118

Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln
1 5 10 15

Thr Ala Thr Ile Thr Cys Ser Gly Asp Asp Leu Gly Asn Lys Tyr Val
20 25 30

Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr
35 40 45

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser
50 55 60

Asn Ser Gly Asn Ile Ala Thr Leu Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Val
65 70 75 80

Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln Val Trp Asp Thr Gly Thr Val Val
85 90 95

Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 2119

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-LCDR1

<400> 2119

Ser Gly Asp Asp Leu Gly Asn Lys Tyr Val Ser
1 5 10

<210> 2120

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-LCDR2

<400> 2120

Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser

1 5

<210> 2121

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<

220><223> IGF1R15-LCDR3

<400> 2121

Gln Val Trp Asp Thr Gly Thr Val Val

1 5

<210> 2122

<211> 318

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-L

<400> 2122

agctatgaac tgacacagcc acctagcgtg agcgttagcc ctggacagac tgccacaatc 60

acctgtagtg gggatgacct tggcaacaag tacgtgagct ggtatcagca gaagcctggc 120

cagtctcccg tgctggtgat ctaccaggac accaaacgac ctagcggaat cccagagcga 180

ttcagcggaa gcaacagcgg gaacatcgca actctcacca tttccggcac tcaggccgtg 240

gatgaagccg actactattg ccaggtgtgg gacactggaa ccgtcgtgtt tgggggaggc 300

acaaaactga ccgtcctg 318

<210> 2123

<211> 242

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-HL

<400> 2123

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 Ser Tyr

20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ser Ser Pro Tyr Ser Ser Arg Trp Tyr Ser Phe Asp Pro Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro

130 135 140

Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Thr Ile Thr Cys Ser Gly

145 150 155 160

Asp Asp Leu Gly Asn Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

165 170 175

Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly

180 185 190

Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Ile Ala Thr Leu

195 200 205

Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Val Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln

210 215 220

Val Trp Asp Thr Gly Thr Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

225 230 235 240

Val Leu

<

210> 2124

<211> 726

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15-HL

<400> 2124

gaggttcagc tgctcgaaag cggaggcggt ttggtgcagc ctgggggaag cctgagactt 60

agctgtgctg caagcggatt caccttctcc agctatgcca tgagctgggt gaggcaggcc 120

cctggcaaag gactggagtg ggtgagcgct atctcaggaa gcggcggttc tacctactac 180

gccgatagcg tcaaggggag gttcaccatc agccgtgaca acagcaagaa caccctgtac 240

ctccagatga atagcctgcg tgctgaggac actgccgttt actactgcgc aagctcccca 300

tactcctcac ggtggtatag cttcgatcca tggggacagg ggactatggt gaccgtgagt 360

agtggcggag ggggaagcgg aggaggcggg agcggcggag gcggaagcag ctatgaactg 420

acacagccac ctagcgtgag cgttagccct ggacagactg ccacaatcac ctgtagtggg 480

gatgaccttg gcaacaagta cgtgagctgg tatcagcaga agcctggcca gtctcccgtg 540

ctggtgatct accaggacac caaacgacct agcggaatcc cagagcgatt cagcggaagc 600

aacagcggga acatcgcaac tctcaccatt tccggcactc aggccgtgga tgaagccgac 660

tactattgcc aggtgtggga cactggaacc gtcgtgtttg ggggaggcac aaaactgacc 720

gtcctg 726

<210> 2125

<211> 497

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R15HLxI2CHL

<400> 2125

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 Ser Tyr
20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Ser Ser Pro Tyr Ser Ser Arg Trp Tyr Ser Phe Asp Pro Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly

115 120 125

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Glu Leu Thr Gln Pro Pro

130 135 140

Ser Val Ser Val Ser Pro Gly Gln Thr Ala Thr Ile Thr Cys Ser Gly

145 150 155 160

Asp Asp Leu Gly Asn Lys Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

165 170 175

Gln Ser Pro Val Leu Val Ile Tyr Gln Asp Thr Lys Arg Pro Ser Gly

180 185 190

Ile Pro Glu Arg Phe Ser Gly Ser Asn Ser Gly Asn Ile Ala Thr Leu

195 200 205

Thr Ile Ser Gly Thr Gln Ala Val Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Gln

210 215 220

Val Trp Asp Thr Gly Thr Val Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr

225 230 235 240

Val Leu Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly

245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala

260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala

275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn

290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile

305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu

325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe
340 345 350
Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
355 360 365
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val
385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala
405 410 415
Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln
420 425 430
Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr
435 440 445
Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
450 455 460
Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu

465 470 475 480
Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
485 490 495
Leu

<210> 2126
<211> 1491
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R15HLxI2CHL
<400> 2126
gaggttcagc tgctcgaaag cggaggcggt ttggtgcagc ctgggggaag cctgagactt 60
agctgtgctg caagcggatt caccttctcc agctatgcca tgagctgggt gaggcaggcc 120
cctggcaaag gactggagtg ggtgagcgct atctcaggaa gcggcggttc tacctactac 180

gccgatagcg tcaaggggag gttcaccatc agccgtgaca acagcaagaa caccctgtac 240

ctccagatga atagcctgcg tgctgaggac actgccgttt actactgcgc aagctcccca 300

tactcctcac ggtggtatag cttcgatcca tggggacagg ggactatggt gaccgtgagt 360

agtggcggag ggggaagcgg aggaggcggg agcggcggag gcggaagcag ctatgaactg 420

acacagccac ctagcgtgag cgttagccct ggacagactg ccacaatcac ctgtagtggg 480

gatgaccttg gcaacaagta cgtgagctgg tatcagcaga agcctggcca gtctcccgtg 540

ctggtgatct accaggacac caaacgacct agcggaatcc cagagcgatt cagcggaagc 600

aacagcggga acatcgcaac tctcaccatt tccggcactc aggccgtgga tgaagccgac 660

tactattgcc aggtgtggga cactggaacc gtcgtgtttg ggggaggcac aaaactgacc 720

gtcctgtccg gaggtggtgg atccgaggtg cagctggtcg agtctggagg aggattggtg 780

cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt gcagcctctg gattcacctt caataagtac 840

gccatgaact gggtccgcca ggctccagga aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga 900

agtaaatata ataattatgc aacatattat gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc 960

tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat ctacaaatga acaacttgaa gactgaggac 1020

actgccgtgt actactgtgt gagacatggg aacttcggta atagctacat atcctactgg 1080

gcttactggg gccaagggac tctggtcacc gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc 1140

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta 1200

tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc 1260

aactacccaa actgggtcca acaaaaacca ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg 1320

actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc agattctcag gctccctgct tggaggcaag 1380

gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta 1440

tggtacagca accgctgggt gttcggtgga ggaaccaaac tgactgtcct a 1491

<210> 2127

<211> 124

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-H

<400> 2127

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr

20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe

50 55 60

Lys Arg Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe

85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp

100 105 110

Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 2128

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-HCDR1

<400> 2128

Ser Tyr Trp Met His

1 5

<210> 2129

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-HCDR2

<400> 2129

Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe Lys

1 5 10 15

Arg

<210> 2130

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-HCDR3

<400> 2130

Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp Val

1 5 10 15

<210> 2131

<211> 372

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-H

<400> 2131

caggttcagc tgcagcagag cggagctgag ctcgttaaac ctggtgcttc cgtgaaactg 60

agctgcaaag cctccggcta taccttcaca agctactgga tgcactgggt caaacagcgt 120

cctggtcagg gtctcgaatg gattggggag atcaacccct ccaacggccg caccaattac 180

aatgagaagt tcaagcggaa ggccaccctt accgtggata agagctcatc taccgcctac 240

atgcagctgt cttcactgac atctgaggac tctgccgtgt attactttgc aagagggagg 300

cctgactact acgggtcatc caagtggtac tttgacgtct ggggagctgg gactaccgtg 360

actgtgtcta gc 372

<210> 2132

<211> 112

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-L

<400> 2132

Asp Val Leu 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 Ile Val His Ser

20 25 30

Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu 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 Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile

65 70 75 80

Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly

85 90 95

Ser His Val Pro Pro Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105 110

<210> 2133

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-LCDR1

<400> 2133

Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Val Asn Thr Tyr Leu Glu

1 5 10 15

<210> 2134

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-LCDR2

<400> 2134

Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

1 5

<210> 2135

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-LCDR3

<400> 2135

Phe Gln Gly Ser His Val Pro Pro Thr

1 5

<210> 2136

<211> 336

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-L

<400> 2136

gatgtcttga tgactcagac tccactgtca cttcctgtgt cactgggaga tcaggcatcc 60

attagctgca ggagtagcca gagcatcgtg cactccaacg tcaacacata cctggagtgg 120

tacctgcaga aacctggcca gagcccaaag ctgctcatct acaaggtgag caatcggttt 180

tccggcgttc ccgatagatt cagcggaagc ggaagcggta cagactttac cctgcgcatt 240

tctcgagtgg aagccgaaga cctgggcatc tactattgct tccagggttc tcatgttccc 300

ccaaccttcg gtggcggaac aaaactcgaa atcaag 336

<210> 2137

<211> 251

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16-HL

<400> 2137

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Arg Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe
85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
100 105 110

Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Val Leu Met Thr

130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile
145 150 155 160
Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Val Asn Thr Tyr
165 170 175
Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile
180 185 190
Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly
195 200 205
Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala

210 215 220
Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Val Pro Pro
225 230 235 240
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
245 250

<210> 2138
<211> 753
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R16-HL
<400> 2138

caggttcagc tgcagcagag cggagctgag ctcgttaaac ctggtgcttc cgtgaaactg 60
agctgcaaag cctccggcta taccttcaca agctactgga tgcactgggt caaacagcgt 120

cctggtcagg gtctcgaatg gattggggag atcaacccct ccaacggccg caccaattac 180
aatgagaagt tcaagcggaa ggccaccctt accgtggata agagctcatc taccgcctac 240
atgcagctgt cttcactgac atctgaggac tctgccgtgt attactttgc aagagggagg 300
cctgactact acgggtcatc caagtggtac tttgacgtct ggggagctgg gactaccgtg 360
actgtgtcta gcggaggcgg agggagcgga gggggaggct ccggtggcgg gggatctgat 420
gtcttgatga ctcagactcc actgtcactt cctgtgtcac tgggagatca ggcatccatt 480
agctgcagga gtagccagag catcgtgcac tccaacgtca acacatacct ggagtggtac 540

ctgcagaaac ctggccagag cccaaagctg ctcatctaca aggtgagcaa tcggttttcc 600

ggcgttcccg atagattcag cggaagcgga agcggtacag actttaccct gcgcatttct 660

cgagtggaag ccgaagacct gggcatctac tattgcttcc agggttctca tgttccccca 720

accttcggtg gcggaacaaa actcgaaatc aag 753

<210> 2139

<211> 506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16HLxI2CHL

<400> 2139

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Ala Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Leu Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Ser Tyr
20 25 30

Trp Met His Trp Val Lys Gln Arg Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Lys Phe
50 55 60

Lys Arg Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Phe

85 90 95

Ala Arg Gly Arg Pro Asp Tyr Tyr Gly Ser Ser Lys Trp Tyr Phe Asp
100 105 110

Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly
115 120 125

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Val Leu Met Thr
130 135 140

Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile
145 150 155 160

Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Ile Val His Ser Asn Val Asn Thr Tyr

165 170 175

Leu Glu Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile

180 185 190

Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly

195 200 205

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Ala

210 215 220

Glu Asp Leu Gly Ile Tyr Tyr Cys Phe Gln Gly Ser His Val Pro Pro

225 230 235 240

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly

245 250 255

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

260 265 270

Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys

275 280 285

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

290 295 300

Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala

305 310 315 320

Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn

325 330 335

Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val

340 345 350

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr

355 360 365

Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly

370 375 380

Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val

385 390 395 400

Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr

405 410 415

Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro

420 425 430

Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly

435 440 445

Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser
450 455 460
Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu
465 470 475 480
Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val
485 490 495
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
500 505

<210> 2140

<211> 1518

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R16HLxI2CHL

<400> 2140

caggttcagc tgcagcagag cggagctgag ctcgttaaac ctggtgcttc cgtgaaactg 60

agctgcaaag cctccggcta taccttcaca agctactgga tgcactgggt caaacagcgt 120

cctggtcagg gtctcgaatg gattggggag atcaacccct ccaacggccg caccaattac 180

aatgagaagt tcaagcggaa ggccaccctt accgtggata agagctcatc taccgcctac 240

atgcagctgt cttcactgac atctgaggac tctgccgtgt attactttgc aagagggagg 300

cctgactact acgggtcatc caagtggtac tttgacgtct ggggagctgg gactaccgtg 360

actgtgtcta gcggaggcgg agggagcgga gggggaggct ccggtggcgg gggatctgat 420

gtcttgatga ctcagactcc actgtcactt cctgtgtcac tgggagatca ggcatccatt 480

agctgcagga gtagccagag catcgtgcac tccaacgtca acacatacct ggagtggtac 540

ctgcagaaac ctggccagag cccaaagctg ctcatctaca aggtgagcaa tcggttttcc 600

ggcgttcccg atagattcag cggaagcgga agcggtacag actttaccct gcgcatttct 660

cgagtggaag ccgaagacct gggcatctac tattgcttcc agggttctca tgttccccca 720

accttcggtg gcggaacaaa actcgaaatc aagtccggag gtggtggatc cgaggtgcag 780

ctggtcgagt ctggaggagg attggtgcag cctggagggt cattgaaact ctcatgtgca 840

gcctctggat tcaccttcaa taagtacgcc atgaactggg tccgccaggc tccaggaaag 900

ggtttggaat gggttgctcg cataagaagt aaatataata attatgcaac atattatgcc 960

gattcagtga aagacaggtt caccatctcc agagatgatt caaaaaacac tgcctatcta 1020

caaatgaaca acttgaagac tgaggacact gccgtgtact actgtgtgag acatgggaac 1080

ttcggtaata gctacatatc ctactgggct tactggggcc aagggactct ggtcaccgtc 1140

tcctcaggtg gtggtggttc tggcggcggc ggctccggtg gtggtggttc tcagactgtt 1200

gtgactcagg aaccttcact caccgtatca cctggtggaa cagtcacact cacttgtggc 1260

tcctcgactg gggctgttac atctggcaac tacccaaact gggtccaaca aaaaccaggt 1320

caggcacccc gtggtctaat aggtgggact aagttcctcg cccccggtac tcctgccaga 1380

ttctcaggct ccctgcttgg aggcaaggct gccctcaccc tctcaggggt acagccagag 1440

gatgaggcag aatattactg tgttctatgg tacagcaacc gctgggtgtt cggtggagga 1500

accaaactga ctgtccta 1518

<210> 2141

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-H

<400> 2141

Gln Ala Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asp Tyr
20 25 30

Tyr Met Ser Trp Ile Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Tyr Ile Ser Ser Ser Gly Ser Thr Arg Asp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Val Arg Asp Gly Val Glu Thr Thr Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 2142

<211>

5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-HCDR1

<400> 2142

Asp Tyr Tyr Met Ser

1 5

<210> 2143

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-HCDR2

<400> 2143

Tyr Ile Ser Ser Ser Gly Ser Thr Arg Asp Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 2144

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-HCDR3

<

400> 2144

Asp Gly Val Glu Thr Thr Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 2145

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-H

<400> 2145

caggcacagc tggtggaaag tggcggtggc ttagttaagc ctggtggatc cctgcgactt 60

tcttgtgctg cctccggctt tacgttttcc gactactaca tgtcctggat tagacaagcc 120

cctggcaagg gcttggaatg ggtgagctac ataagctcct cgggaagcac tagggactat 180

gccgatagcg ttaaggggag attcacgata agcagggata acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcagatga atagtctccg tgctgaggac actgccgtgt actattgcgt gagggatggc 300

gtcgaaacaa ccttctacta ctactactat ggcatggacg tttggggaca gggaacaact 360

gtaaccgtga gctca 375

<210> 2146

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-L

<400> 2146

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Phe Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Arg Asp
20 25 30

Leu Gly Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45

Tyr Ala Ala Ser Arg Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Arg
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Glu Val Glu Ile Ile
100 105

<210> 2147

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-LCDR1

<400> 2147

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Arg Asp Leu Gly

1 5 10

<210> 2148

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-LCDR2

<400> 2148

Ala Ala Ser Arg Leu Gln Ser

1 5

<210> 2149

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-LCDR3

<400> 2149

Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Arg Thr

1 5

<210> 2150

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-L

<400> 2150

gatatccaga tgacacaaag cccaagctcg ctgagcgcta gcgtaggcga tcgagtgaca 60

ttcacctgta gggctagcca ggatattaga cgggacctag ggtggtacca gcagaaacct 120

ggcaaagctc ccaaacgcct tatctatgcg gcttcacggc tgcaatcggg agtcccctct 180

cgcttttctg gaagtgggag cggaaccgag tttacattga cgattagctc cctccaacct 240

gaggactttg caacctatta ctgcctccag cacaataact atccacggac cttcggacaa 300

gggaccgagg tcgagatcat c 321

<210> 2151

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-HL

<400> 2151

Gln Ala Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asp Tyr
20 25 30

Tyr Met Ser Trp Ile Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Tyr Ile Ser Ser Ser Gly Ser Thr Arg Asp Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Val Arg Asp Gly Val Glu Thr Thr Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met
130 135 140

Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr
145 150 155 160

Phe Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Arg Asp Leu Gly Trp Tyr
165 170 175

Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala Ser
180 185 190

Arg Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205

Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala
210 215 220

Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Arg Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Glu Val Glu Ile Ile

245

<210> 2152

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17-HL

<400> 2152

caggcacagc tggtggaaag tggcggtggc ttagttaagc ctggtggatc cctgcgactt 60

tcttgtgctg cctccggctt tacgttttcc gactactaca tgtcctggat tagacaagcc 120

cctggcaagg gcttggaatg ggtgagctac ataagctcct cgggaagcac tagggactat 180

gccgatagcg ttaaggggag attcacgata agcagggata acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcagatga atagtctccg tgctgaggac actgccgtgt actattgcgt gagggatggc 300

gtcgaaacaa ccttctacta ctactactat ggcatggacg tttggggaca gggaacaact 360

gtaaccgtga gctcaggagg tggaggtagc ggaggtggag gtagtggtgg aggtggctcg 420

gatatccaga tgacacaaag cccaagctcg ctgagcgcta gcgtaggcga tcgagtgaca 480

ttcacctgta gggctagcca ggatattaga cgggacctag ggtggtacca gcagaaacct 540

ggcaaagctc ccaaacgcct tatctatgcg gcttcacggc tgcaatcggg agtcccctct 600

cgcttttctg gaagtgggag cggaaccgag tttacattga cgattagctc cctccaacct 660

gaggactttg caacctatta ctgcctccag cacaataact atccacggac cttcggacaa 720

gggaccgagg tcgagatcat c 741

<210> 2153

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17HLxI2CHL

<400> 2153

Gln Ala Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Asp Tyr

20 25 30

Tyr Met Ser Trp Ile Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Tyr Ile Ser Ser Ser Gly Ser Thr Arg Asp Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Val Arg Asp Gly Val Glu Thr Thr Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met

100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met

130 135 140

Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr

145 150 155 160

Phe Thr Cys Arg Ala Ser Gln Asp Ile Arg Arg Asp Leu Gly Trp Tyr

165 170 175

Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala Ser

180 185 190

Arg Leu Gln Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala

210 215 220

Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Asn Tyr Pro Arg Thr Phe Gly Gln

225 230 235 240

Gly Thr Glu Val Glu Ile Ile Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln

245 250 255

Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys

260 265 270

Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn

275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile

290 295 300

Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

305 310 315 320

Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu

325 330 335

Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val

340 345 350

Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365

Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 2154

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R17HLxI2CHL

<400> 2154

caggcacagc tggtggaaag tggcggtggc ttagttaagc ctggtggatc cctgcgactt 60

tcttgtgctg cctccggctt tacgttttcc gactactaca tgtcctggat tagacaagcc 120

cctggcaagg gcttggaatg ggtgagctac ataagctcct cgggaagcac tagggactat 180

gccgatagcg ttaaggggag attcacgata agcagggata acgccaagaa ctccctgtat 240

ctgcagatga atagtctccg tgctgaggac actgccgtgt actattgcgt gagggatggc 300

gtcgaaacaa ccttctacta ctactactat ggcatggacg tttggggaca gggaacaact 360

gtaaccgtga gctcaggagg tggaggtagc ggaggtggag gtagtggtgg aggtggctcg 420

gatatccaga tgacacaaag cccaagctcg ctgagcgcta gcgtaggcga tcgagtgaca 480

ttcacctgta gggctagcca ggatattaga cgggacctag ggtggtacca gcagaaacct 540

ggcaaagctc ccaaacgcct tatctatgcg gcttcacggc tgcaatcggg agtcccctct 600

cgcttttctg gaagtgggag cggaaccgag tttacattga cgattagctc cctccaacct 660

gaggactttg caacctatta ctgcctccag cacaataact atccacggac cttcggacaa 720

gggaccgagg tcgagatcat ctccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaagactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 2155

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19-H

<400> 2155

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 Ser Tyr
20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ile Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gly Tyr Gly Asp Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 2156

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19-HCDR1

<400> 2156

Ser Tyr Ala Met Ser
1 5

<210> 2157

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19-HCDR2

<400> 2157

Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ile Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 2158
<211> 16
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R19-HCDR3
<400> 2158
Asp Leu Gly Tyr Gly Asp Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val
1 5 10 15
<210> 2159
<211> 375
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R19-H
<400> 2159
gaggttcagc tgcttgaatc tggcggaggt ttggttcagc ctgggggttc acttcgtctg 60

agctgtgctg ccagcgggtt tacattctcc tcatatgcca tgtcctgggt gcgacaggca 120
ccaggcaaag gcttggaatg ggtgtccgct attagcggaa gcggaggcat cacatactac 180
gctgatagcg tcaaggggag attcaccatc tcacgggaca attccaagaa caccctgtat 240
ctccagatga actccctgcg tgccgaagat actgccgtgt actattgcgc caaggatctt 300
ggctacgggg acttctacta ctactactat gggatggacg tgtggggaca gggaacaacc 360
gtgactgtga gctct 375
<210> 2160
<211> 107
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R19-L
<400> 2160

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser Asp
20 25 30
Leu Gly Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile
35 40 45
Tyr Ala Ala Ser Lys Leu His Arg Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 2161
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R19-LCDR1
<400> 2161
Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser Asp Leu Gly

1 5 10

<210> 2162
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R19-LCDR2
<400> 2162
Ala Ala Ser Lys Leu His Arg
1 5

<210> 2163
<211> 9
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19-LCDR3

<400> 2163

Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Leu Thr

1 5

<210> 2164

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19-L

<400> 2164

gacattcaga tgactcagag cccaagctct ctgtctgctt ctgtgggaga ccgcgttacc 60

atcacctgta gagcaagcca gggcattcga tccgatctcg gatggtttca gcagaaacct 120

ggcaaggcac ccaaacggct gatctatgct gccagcaaac tgcatagggg agtgccctca 180

cgctttagcg gatctggtag tggtaccgag ttcacactga caatctcacg gctgcagcct 240

gaggatttcg ccacctatta ctgcctccag cacaattcct acccactgac ctttggcggt 300

gggactaagg tcgagatcaa g 321

<210> 2165

<211> 247

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19-HL

<400> 2165

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 Ser Tyr

20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ile Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gly Tyr Gly Asp Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met

100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met

130 135 140

Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr

145 150 155 160

Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser Asp Leu Gly Trp Phe

165 170 175

Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala Ser

180 185 190

Lys Leu His Arg Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly

195 200 205

Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala

210 215 220

Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly

225 230 235 240

Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

245

<210> 2166

<211> 741

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19-HL

<400> 2166

gaggttcagc tgcttgaatc tggcggaggt ttggttcagc ctgggggttc acttcgtctg 60

agctgtgctg ccagcgggtt tacattctcc tcatatgcca tgtcctgggt gcgacaggca 120

ccaggcaaag gcttggaatg ggtgtccgct attagcggaa gcggaggcat cacatactac 180

gctgatagcg tcaaggggag attcaccatc tcacgggaca attccaagaa caccctgtat 240

ctccagatga actccctgcg tgccgaagat actgccgtgt actattgcgc caaggatctt 300

ggctacgggg acttctacta ctactactat gggatggacg tgtggggaca gggaacaacc 360

gtgactgtga gctctggtgg cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg gggagggagc 420

gacattcaga tgactcagag cccaagctct ctgtctgctt ctgtgggaga ccgcgttacc 480

atcacctgta gagcaagcca gggcattcga tccgatctcg gatggtttca gcagaaacct 540

ggcaaggcac ccaaacggct gatctatgct gccagcaaac tgcatagggg agtgccctca 600

cgctttagcg gatctggtag tggtaccgag ttcacactga caatctcacg gctgcagcct 660

gaggatttcg ccacctatta ctgcctccag cacaattcct acccactgac ctttggcggt 720

gggactaagg tcgagatcaa g 741

<210> 2167

<211> 502

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19HLxI2CHL

<400> 2167

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 Ser Tyr
20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Ala Ile Ser Gly Ser Gly Gly Ile Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ser Lys Asn Thr Leu Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Lys Asp Leu Gly Tyr Gly Asp Phe Tyr Tyr Tyr Tyr Tyr Gly Met
100 105 110

Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met
130 135 140

Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr
145 150 155 160
Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Arg Ser Asp Leu Gly Trp Phe
165 170 175
Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Arg Leu Ile Tyr Ala Ala Ser
180 185 190
Lys Leu His Arg Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly
195 200 205
Thr Glu Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala

210 215 220
Thr Tyr Tyr Cys Leu Gln His Asn Ser Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly
225 230 235 240
Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln
245 250 255
Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys
260 265 270
Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn
275 280 285

Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile
290 295 300
Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys
305 310 315 320
Asp Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu
325 330 335
Gln Met Asn Asn Leu Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val
340 345 350
Arg His Gly Asn Phe Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp

355 360 365
Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

370 375 380

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu

385 390 395 400

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln

420 425 430

Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe

435 440 445

Leu Ala Pro Gly Thr Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

450 455 460

Lys Ala Ala Leu Thr Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu

465 470 475 480

Tyr Tyr Cys Val Leu Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly

485 490 495

Thr Lys Leu Thr Val Leu

500

<210> 2168

<211> 1506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R19HLxI2CHL

<400> 2168

gaggttcagc tgcttgaatc tggcggaggt ttggttcagc ctgggggttc acttcgtctg 60

agctgtgctg ccagcgggtt tacattctcc tcatatgcca tgtcctgggt gcgacaggca 120

ccaggcaaag gcttggaatg ggtgtccgct attagcggaa gcggaggcat cacatactac 180

gctgatagcg tcaaggggag attcaccatc tcacgggaca attccaagaa caccctgtat 240

ctccagatga actccctgcg tgccgaagat actgccgtgt actattgcgc caaggatctt 300

ggctacgggg acttctacta ctactactat gggatggacg tgtggggaca gggaacaacc 360

gtgactgtga gctctggtgg cggaggatct ggcggaggtg gaagcggagg gggagggagc 420

gacattcaga tgactcagag cccaagctct ctgtctgctt ctgtgggaga ccgcgttacc 480

atcacctgta gagcaagcca gggcattcga tccgatctcg gatggtttca gcagaaacct 540

ggcaaggcac ccaaacggct gatctatgct gccagcaaac tgcatagggg agtgccctca 600

cgctttagcg gatctggtag tggtaccgag ttcacactga caatctcacg gctgcagcct 660

gaggatttcg ccacctatta ctgcctccag cacaattcct acccactgac ctttggcggt 720

gggactaagg tcgagatcaa gtccggaggt ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct 780

ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc 840

accttcaata agtacgccat gaactgggtc cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg 900

gttgctcgca taagaagtaa atataataat tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa 960

gacaggttca ccatctccag agatgattca aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac 1020

ttgaagactg aggacactgc cgtgtactac tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc 1080

tacatatcct actgggctta ctggggccaa gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt 1140

ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa 1200

ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg 1260

gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt 1320

ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc 1380

ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa 1440

tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact 1500

gtccta 1506

<210> 2169

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-H

<400> 2169

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Asn Leu Ala Asn Tyr

20 25 30

Gly Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Lys Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Ala Pro Thr Tyr Ala Glu Glu Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Phe Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Ile Asn Asn Leu Ser Asp Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Ser Ile Tyr Tyr Tyr Ala Ser Arg Tyr Phe Asn Val Trp Gly
100 105 110
Ala Gly Thr Ser Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210
> 2170
<211> 13
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R20-HCDR1
<400> 2170
Lys Ala Ser Gly Tyr Asn Leu Ala Asn Tyr Gly Leu Asn
1 5 10
<210> 2171
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R20-HCDR2
<400> 2171
Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Ala Pro Thr Tyr Ala Glu Glu Phe Lys
1 5 10 15
Gly

<210> 2172
<211> 12

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R20-HCDR3
<400> 2172
Ser Ile Tyr Tyr Tyr Ala Ser Arg Tyr Phe Asn Val

1 5 10

<210> 2173

<211> 363

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-H

<400> 2173

cagatccagc tggtgcagag cggacctgag cttaagaagc ctggcgagac cgtcaagatc 60

tcatgcaaag ctagcggata caacctggcc aactatggcc tcaactgggt gaaacaggcc 120

cctggagagg gcctgaagtg gatgggatgg atcaacacca atactggcgc cccaacatac 180

gcagaggaat ttaaggggag gttcgtgttc ttcctggaaa cctccgctag tactgcctac 240

ctgcagatca acaacctctc cgatgaagat accgccacct acttttgtgc ccgctctatc 300

tactactacg catccaggta cttcaatgtc tggggagccg gaacctccgt gactgttagc 360

tct 363

<210> 2174

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-L

<400> 2174

Asp Ile Gln Met Thr Gln Thr Thr Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly

1 5 10 15

Asp Lys 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 Ile Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser Gly Ile 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 Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 2175

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-LCDR1

<400> 2175

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Ser Asn Tyr Leu Asn

1 5 10

<210> 2176

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-LCDR2

<400> 2176

Ile Gly Phe Arg Leu Cys Asp Arg

1 5

<210> 2177

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-LCDR3

<400> 2177

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 2178

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-L

<400> 2178

gatatccaga tgacacagac tacatcttcc ctctccgctt cacttggcga caaagtcacc 60

atttcatgcc gtgcaagcca ggacatcagc aactacctca attggtacca gcagaaaccc 120

gacgggacaa tcaagctgct gatctactac acaagccgac tgcacagcgg gattccatca 180

agattcagcg gaagcggaag tgggaccgat tacagcttga caatcagcaa tctggagcag 240

gaggacatcg ctacttactt ttgccagcag gggaatacct tgccatggac atttgggggc 300

ggtaccaaag tggaaatcaa g 321

<210> 2179

<211> 243

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-HL

<400> 2179

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Asn Leu Ala Asn Tyr
20 25 30

Gly Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Lys Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Ala Pro Thr Tyr Ala Glu Glu Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Phe Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Ser Asp Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Ser Ile Tyr Tyr Tyr Ala Ser Arg Tyr Phe Asn Val Trp Gly
100 105 110

Ala Gly Thr Ser 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 Thr
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Lys 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

Asp Gly Thr Ile Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Ile Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser

195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn 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 Gly Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 2180

<211> 729

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20-HL

<400> 2180

cagatccagc tggtgcagag cggacctgag cttaagaagc ctggcgagac cgtcaagatc 60

tcatgcaaag ctagcggata caacctggcc aactatggcc tcaactgggt gaaacaggcc 120

cctggagagg gcctgaagtg gatgggatgg atcaacacca atactggcgc cccaacatac 180

gcagaggaat ttaaggggag gttcgtgttc ttcctggaaa cctccgctag tactgcctac 240

ctgcagatca acaacctctc cgatgaagat accgccacct acttttgtgc ccgctctatc 300

tactactacg catccaggta cttcaatgtc tggggagccg gaacctccgt gactgttagc 360

tctggaggag gcggtagcgg tggcggtgga agtggcggag gtggctctga tatccagatg 420

acacagacta catcttccct ctccgcttca cttggcgaca aagtcaccat ttcatgccgt 480

gcaagccagg acatcagcaa ctacctcaat tggtaccagc agaaacccga cgggacaatc 540

aagctgctga tctactacac aagccgactg cacagcggga ttccatcaag attcagcgga 600

agcggaagtg ggaccgatta cagcttgaca atcagcaatc tggagcagga ggacatcgct 660

acttactttt gccagcaggg gaataccttg ccatggacat ttgggggcgg taccaaagtg 720

gaaatcaag 729

<210> 2181

<211> 498

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20HLxI2CHL

<400> 2181

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Asn Leu Ala Asn Tyr
20 25 30

Gly Leu Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Glu Gly Leu Lys Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Ala Pro Thr Tyr Ala Glu Glu Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Phe Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Ile Asn Asn Leu Ser Asp Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Ser Ile Tyr Tyr Tyr Ala Ser Arg Tyr Phe Asn Val Trp Gly
100 105 110

Ala Gly Thr Ser 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 Thr
130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Lys 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

Asp Gly Thr Ile Lys Leu Leu Ile Tyr Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

180 185 190

Gly Ile Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Tyr Ser
195 200 205

Leu Thr Ile Ser Asn 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 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> 2182

<211> 1494

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R20HLxI2CHL

<400> 2182

cagatccagc tggtgcagag cggacctgag cttaagaagc ctggcgagac cgtcaagatc 60

tcatgcaaag ctagcggata caacctggcc aactatggcc tcaactgggt gaaacaggcc 120

cctggagagg gcctgaagtg gatgggatgg atcaacacca atactggcgc cccaacatac 180

gcagaggaat ttaaggggag gttcgtgttc ttcctggaaa cctccgctag tactgcctac 240

ctgcagatca acaacctctc cgatgaagat accgccacct acttttgtgc ccgctctatc 300

tactactacg catccaggta cttcaatgtc tggggagccg gaacctccgt gactgttagc 360

tctggaggag gcggtagcgg tggcggtgga agtggcggag gtggctctga tatccagatg 420

acacagacta catcttccct ctccgcttca cttggcgaca aagtcaccat ttcatgccgt 480

gcaagccagg acatcagcaa ctacctcaat tggtaccagc agaaacccga cgggacaatc 540

aagctgctga tctactacac aagccgactg cacagcggga ttccatcaag attcagcgga 600

agcggaagtg ggaccgatta cagcttgaca atcagcaatc tggagcagga ggacatcgct 660

acttactttt gccagcaggg gaataccttg ccatggacat ttgggggcgg taccaaagtg 720

gaaatcaagt ccggaggtgg tggatccgag gtgcagctgg tcgagtctgg aggaggattg 780

gtgcagcctg gagggtcatt gaaactctca tgtgcagcct ctggattcac cttcaataag 840

tacgccatga actgggtccg ccaggctcca ggaaagggtt tggaatgggt tgctcgcata 900

agaagtaaat ataataatta tgcaacatat tatgccgatt cagtgaaaga caggttcacc 960

atctccagag atgattcaaa aaacactgcc tatctacaaa tgaacaactt gaagactgag 1020

gacactgccg tgtactactg tgtgagacat gggaacttcg gtaatagcta catatcctac 1080

tgggcttact ggggccaagg gactctggtc accgtctcct caggtggtgg tggttctggc 1140

ggcggcggct ccggtggtgg tggttctcag actgttgtga ctcaggaacc ttcactcacc 1200

gtatcacctg gtggaacagt cacactcact tgtggctcct cgactggggc tgttacatct 1260

ggcaactacc caaactgggt ccaacaaaaa ccaggtcagg caccccgtgg tctaataggt 1320

gggactaagt tcctcgcccc cggtactcct gccagattct caggctccct gcttggaggc 1380

aaggctgccc tcaccctctc aggggtacag ccagaggatg aggcagaata ttactgtgtt 1440

ctatggtaca gcaaccgctg ggtgttcggt ggaggaacca aactgactgt ccta 1494

<210> 2183

<211> 121

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-H

<400> 2183

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Ala Asn Tyr
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Phe Lys Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Lys Pro Thr Tyr Ser Asp Glu Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Leu Ile Asn Asn Leu Ser Asn Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys
85 90 95

Ala Arg Ser Ile Tyr Tyr Tyr Gly Ser Arg Tyr Phe Asn Val Trp Gly
100 105 110

Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 2184

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-HCDR1

<400> 2184

Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Ala Asn Tyr Gly Met Asn

1 5 10

<210> 2185

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-HCDR2

<400> 2185

Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Lys Pro Thr Tyr Ser Asp Glu Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 2186

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-HCDR3

<400> 2186

Ser Ile Tyr Tyr Tyr Gly Ser Arg Tyr Phe Asn Val

1 5 10

<210> 2187

<211> 363

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-H

<400> 2187

cagatccagc ttgtccagag tggtcccgag ctgaagaaac ctggcgaaac cgtgaaaatc 60

agctgcaagg caagcggcta tacactggcc aactatggca tgaattgggt gaagcaggca 120

cctgggaagg gtttcaagtg gatgggctgg atcaacacca acactggcaa accaacctat 180

tccgacgagt tcaaggggcg tttcgtgttt tcactggaaa cctccgcatc aaccgcttac 240

ctcttgatca acaacctgag caacgaggac accgccacat acttctgcgc taggagcatc 300

tactactatg ggagccgcta cttcaatgtg tggggagctg ggacaactgt tactgtgagc 360

tca 363

<210> 2188

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-L

<400> 2188

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Thr 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 Asn Asn Tyr
20 25 30

Leu Thr 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 Thr Asn Leu Glu Gln
65 70 75 80

Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Glu Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 2189

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-LCDR1

<400> 2189

Arg Ala Ser Gln Asp Ile Asn Asn Tyr Leu Thr
1 5 10

<210> 2190

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-LCDR2

<400> 2190

Tyr Thr Ser Arg Leu His Ser

1 5

<210> 2191

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-LCDR3

<400> 2191

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr

1 5

<210> 2192

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-L

<400> 2192

gatatccaga tgacacagag cacaagttca ttgtccgcct ctcttggcga tcgagtgacc 60

attagctgcc gagcaagcca ggacattaac aactacctga cctggtatca gcagaaaccc 120

gacgggactg tgaagctgct gatctattac acctctagac tgcacagtgg cgttcctagc 180

cggtttagcg gatccggtag cggaacagat tactccctga ccatcaccaa tctcgagcag 240

gaagactttg ccacctactt ttgccagcag ggcaatactc tcccatggac atttggtgag 300

gggaccaaag tcgagattaa g 321

<210> 2193

<211> 243

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-HL

<400> 2193

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Ala Asn Tyr

20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Phe Lys Trp Met

35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Lys Pro Thr Tyr Ser Asp Glu Phe

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Leu Ile Asn Asn Leu Ser Asn Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys

85 90 95

Ala Arg Ser Ile Tyr Tyr Tyr Gly Ser Arg Tyr Phe Asn Val Trp Gly

100 105 110

Ala Gly Thr Thr 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 Thr

130 135 140

Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg

145 150 155 160

Ala Ser Gln Asp Ile Asn Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro

165 170 175

Asp Gly Thr Val 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 Thr Asn Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys

210 215 220

Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Glu Gly Thr Lys Val

225 230 235 240

Glu Ile Lys

<210> 2194

<211> 729

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21-HL

<400> 2194

cagatccagc ttgtccagag tggtcccgag ctgaagaaac ctggcgaaac cgtgaaaatc 60

agctgcaagg caagcggcta tacactggcc aactatggca tgaattgggt gaagcaggca 120

cctgggaagg gtttcaagtg gatgggctgg atcaacacca acactggcaa accaacctat 180

tccgacgagt tcaaggggcg tttcgtgttt tcactggaaa cctccgcatc aaccgcttac 240

ctcttgatca acaacctgag caacgaggac accgccacat acttctgcgc taggagcatc 300

tactactatg ggagccgcta cttcaatgtg tggggagctg ggacaactgt tactgtgagc 360

tcaggagggg gaggtagcgg aggaggcggt agcggaggcg gtggatccga tatccagatg 420

acacagagca caagttcatt gtccgcctct cttggcgatc gagtgaccat tagctgccga 480

gcaagccagg acattaacaa ctacctgacc tggtatcagc agaaacccga cgggactgtg 540

aagctgctga tctattacac ctctagactg cacagtggcg ttcctagccg gtttagcgga 600

tccggtagcg gaacagatta ctccctgacc atcaccaatc tcgagcagga agactttgcc 660

acctactttt gccagcaggg caatactctc ccatggacat ttggtgaggg gaccaaagtc 720

gagattaag 729

<210> 2195

<211> 498

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21HLxI2CHL

<400> 2195

Gln Ile Gln Leu Val Gln Ser Gly Pro Glu Leu Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Thr Val Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Leu Ala Asn Tyr
20 25 30

Gly Met Asn Trp Val Lys Gln Ala Pro Gly Lys Gly Phe Lys Trp Met
35 40 45

Gly Trp Ile Asn Thr Asn Thr Gly Lys Pro Thr Tyr Ser Asp Glu Phe
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Val Phe Ser Leu Glu Thr Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Leu Ile Asn Asn Leu Ser Asn Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Phe Cys
85 90 95
Ala Arg Ser Ile Tyr Tyr Tyr Gly Ser Arg Tyr Phe Asn Val Trp Gly
100 105 110

Ala Gly Thr Thr 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 Thr
130 135 140
Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Gly Asp Arg Val Thr Ile Ser Cys Arg
145 150 155 160
Ala Ser Gln Asp Ile Asn Asn Tyr Leu Thr Trp Tyr Gln Gln Lys Pro
165 170 175
Asp Gly Thr Val 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 Thr Asn Leu Glu Gln Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Phe Cys
210 215 220
Gln Gln Gly Asn Thr Leu Pro Trp Thr Phe Gly Glu 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> 2196

<211> 1494

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R21HLxI2CHL

<400> 2196

cagatccagc ttgtccagag tggtcccgag ctgaagaaac ctggcgaaac cgtgaaaatc 60

agctgcaagg caagcggcta tacactggcc aactatggca tgaattgggt gaagcaggca 120

cctgggaagg gtttcaagtg gatgggctgg atcaacacca acactggcaa accaacctat 180

tccgacgagt tcaaggggcg tttcgtgttt tcactggaaa cctccgcatc aaccgcttac 240

ctcttgatca acaacctgag caacgaggac accgccacat acttctgcgc taggagcatc 300

tactactatg ggagccgcta cttcaatgtg tggggagctg ggacaactgt tactgtgagc 360

tcaggagggg gaggtagcgg aggaggcggt agcggaggcg gtggatccga tatccagatg 420

acacagagca caagttcatt gtccgcctct cttggcgatc gagtgaccat tagctgccga 480

gcaagccagg acattaacaa ctacctgacc tggtatcagc agaaacccga cgggactgtg 540

aagctgctga tctattacac ctctagactg cacagtggcg ttcctagccg gtttagcgga 600

tccggtagcg gaacagatta ctccctgacc atcaccaatc tcgagcagga agactttgcc 660

acctactttt gccagcaggg caatactctc ccatggacat ttggtgaggg gaccaaagtc 720

gagattaagt ccggaggtgg tggatccgag gtgcagctgg tcgagtctgg aggaggattg 780

gtgcagcctg gagggtcatt gaaactctca tgtgcagcct ctggattcac cttcaataag 840

tacgccatga actgggtccg ccaggctcca ggaaagggtt tggaatgggt tgctcgcata 900

agaagtaaat ataataatta tgcaacatat tatgccgatt cagtgaaaga caggttcacc 960

atctccagag atgattcaaa aaacactgcc tatctacaaa tgaacaactt gaagactgag 1020

gacactgccg tgtactactg tgtgagacat gggaacttcg gtaatagcta catatcctac 1080

tgggcttact ggggccaagg gactctggtc accgtctcct caggtggtgg tggttctggc 1140

ggcggcggct ccggtggtgg tggttctcag actgttgtga ctcaggaacc ttcactcacc 1200

gtatcacctg gtggaacagt cacactcact tgtggctcct cgactggggc tgttacatct 1260

ggcaactacc caaactgggt ccaacaaaaa ccaggtcagg caccccgtgg tctaataggt 1320

gggactaagt tcctcgcccc cggtactcct gccagattct caggctccct gcttggaggc 1380

aaggctgccc tcaccctctc aggggtacag ccagaggatg aggcagaata ttactgtgtt 1440

ctatggtaca gcaaccgctg ggtgttcggt ggaggaacca aactgactgt ccta 1494

<210> 2197

<211> 115

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-H

<400> 2197

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 Tyr Thr Phe Thr Arg Phe

20 25 30

Trp Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Asn Phe

50 55 60

Lys Asn Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Gly Gly Arg Leu Asp Gln Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr

100 105 110

Val Ser Ser

115

<210> 2198

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-HCDR1

<400> 2198

Arg Phe Trp Ile His

1 5

<210> 2199

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-HCDR2

<400> 2199

Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Asn Phe Lys

1 5 10 15

Asn

<210> 2200

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-HCDR3

<400> 2200

Gly Gly Arg Leu Asp Gln
1 5

<210> 2201

<211> 345

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-H

<400> 2201

gaagtccagc ttgttgaaag cggaggcggt ctggttcagc ctggtggatc tctgagactg 60

agctgcgctg caagcggcta cacattcaca cgcttttgga ttcattgggt gaggcaggcc 120

cctggaaaag gactcgaatg ggtgggcgag atcaatccta gcaacggtcg gaccaactac 180

aacgagaact tcaagaaccg gttcaccatc tctgccgaca cctccaagaa taccgcatac 240

ctgcagatga atagcctccg agccgaggac actgccgtct attactgtgc taggggagga 300

cgccttgatc agtggggaca ggggacactt gtgactgtgt catcc 345

<210> 2202

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-L

<400> 2202

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 Lys Ala Ser Gln Asn Leu Arg Ser Lys
20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr 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 Tyr Pro Tyr

85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 2203

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-LCDR1

<400> 2203

Lys Ala Ser Gln Asn Leu Arg Ser Lys Val Ala

1 5 10

<210> 2204

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-LCDR2

<400> 2204

Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr Ser

1 5

<210> 2205

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-LCDR3

<400> 2205

Gln Gln Tyr Ser Asn Tyr Pro Tyr Thr

1 5

<210> 2206

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-L

<400> 2206

gatattcaga tgacccagag cccaagctcc ttgagcgcta gcgttggcga tcgtgtgact 60

atcacctgta aggctagcca gaacctgcga agcaaggtcg catggtatca gcagaaaccc 120

ggcaaagccc caaagctgct gatctactcc gcatcctatc ggtattccgg cgtgccaagc 180

agattcagtg ggagtgggag cggaactgac tttaccctca ccatctcatc cctgcagcct 240

gaggactttg ccacctacta ttgccagcag tattccaact acccctacac ctttggccag 300

ggcacaaaag tggagatcaa g 321

<210> 2207

<211> 237

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-HL

<400> 2207

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 Tyr Thr Phe Thr Arg Phe
20 25 30

Trp Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Asn Phe
50 55 60

Lys Asn Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Gly Gly Arg Leu Asp Gln 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 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asn Leu Arg
145 150 155 160
Ser Lys Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
165 170 175

Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr 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 Leu
195 200 205
Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Tyr
210 215 220
Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
225 230 235

<210> 2208

<211> 711

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23-HL

<400> 2208

gaagtccagc ttgttgaaag cggaggcggt ctggttcagc ctggtggatc tctgagactg 60
agctgcgctg caagcggcta cacattcaca cgcttttgga ttcattgggt gaggcaggcc 120
cctggaaaag gactcgaatg ggtgggcgag atcaatccta gcaacggtcg gaccaactac 180
aacgagaact tcaagaaccg gttcaccatc tctgccgaca cctccaagaa taccgcatac 240
ctgcagatga atagcctccg agccgaggac actgccgtct attactgtgc taggggagga 300
cgccttgatc agtggggaca ggggacactt gtgactgtgt catccggtgg gggaggtagt 360

gggggaggtg gaagcggcgg aggaggcagc gatattcaga tgacccagag cccaagctcc 420
ttgagcgcta gcgttggcga tcgtgtgact atcacctgta aggctagcca gaacctgcga 480
agcaaggtcg catggtatca gcagaaaccc ggcaaagccc caaagctgct gatctactcc 540
gcatcctatc ggtattccgg cgtgccaagc agattcagtg ggagtgggag cggaactgac 600
tttaccctca ccatctcatc cctgcagcct gaggactttg ccacctacta ttgccagcag 660
tattccaact acccctacac ctttggccag ggcacaaaag tggagatcaa g 711

<210> 2209

<211> 492

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23HLxI2CHL

<400> 2209

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 Tyr Thr Phe Thr Arg Phe
20 25 30

Trp Ile His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Gly Glu Ile Asn Pro Ser Asn Gly Arg Thr Asn Tyr Asn Glu Asn Phe

50 55 60

Lys Asn Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Gly Gly Arg Leu Asp Gln 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 Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser
130 135 140

Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asn Leu Arg
145 150 155 160

Ser Lys Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu
165 170 175

Leu Ile Tyr Ser Ala Ser Tyr Arg Tyr 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 Leu

195 200 205

Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Tyr

210 215 220

Pro Tyr Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val 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> 2210

<211> 1476

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R23HLxI2CHL

<400> 2210

gaagtccagc ttgttgaaag cggaggcggt ctggttcagc ctggtggatc tctgagactg 60

agctgcgctg caagcggcta cacattcaca cgcttttgga ttcattgggt gaggcaggcc 120

cctggaaaag gactcgaatg ggtgggcgag atcaatccta gcaacggtcg gaccaactac 180

aacgagaact tcaagaaccg gttcaccatc tctgccgaca cctccaagaa taccgcatac 240

ctgcagatga atagcctccg agccgaggac actgccgtct attactgtgc taggggagga 300

cgccttgatc agtggggaca ggggacactt gtgactgtgt catccggtgg gggaggtagt 360

gggggaggtg gaagcggcgg aggaggcagc gatattcaga tgacccagag cccaagctcc 420

ttgagcgcta gcgttggcga tcgtgtgact atcacctgta aggctagcca gaacctgcga 480

agcaaggtcg catggtatca gcagaaaccc ggcaaagccc caaagctgct gatctactcc 540

gcatcctatc ggtattccgg cgtgccaagc agattcagtg ggagtgggag cggaactgac 600

tttaccctca ccatctcatc cctgcagcct gaggactttg ccacctacta ttgccagcag 660

tattccaact acccctacac ctttggccag ggcacaaaag tggagatcaa gtccggaggt 720

ggtggatccg aggtgcagct ggtcgagtct ggaggaggat tggtgcagcc tggagggtca 780

ttgaaactct catgtgcagc ctctggattc accttcaata agtacgccat gaactgggtc 840

cgccaggctc caggaaaggg tttggaatgg gttgctcgca taagaagtaa atataataat 900

tatgcaacat attatgccga ttcagtgaaa gacaggttca ccatctccag agatgattca 960

aaaaacactg cctatctaca aatgaacaac ttgaagactg aggacactgc cgtgtactac 1020

tgtgtgagac atgggaactt cggtaatagc tacatatcct actgggctta ctggggccaa 1080

gggactctgg tcaccgtctc ctcaggtggt ggtggttctg gcggcggcgg ctccggtggt 1140

ggtggttctc agactgttgt gactcaggaa ccttcactca ccgtatcacc tggtggaaca 1200

gtcacactca cttgtggctc ctcgactggg gctgttacat ctggcaacta cccaaactgg 1260

gtccaacaaa aaccaggtca ggcaccccgt ggtctaatag gtgggactaa gttcctcgcc 1320

cccggtactc ctgccagatt ctcaggctcc ctgcttggag gcaaggctgc cctcaccctc 1380

tcaggggtac agccagagga tgaggcagaa tattactgtg ttctatggta cagcaaccgc 1440

tgggtgttcg gtggaggaac caaactgact gtccta 1476

<210> 2211

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-H

<400> 2211

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Glu Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Arg Ile Ser Pro Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Glu Glu Tyr Tyr Tyr Trp Gly Ala Met Asp Val Trp Gly Gln
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 2212

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-HCDR1

<400> 2212

Ser Tyr Ala Met Ser

1 5

<210> 2213

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-HCDR2

<400> 2213

Arg Ile Ser Pro Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 2214

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-HCDR3

<400> 2214

Glu Glu Tyr Tyr Tyr Trp Gly Ala Met Asp Val

1 5 10

<210> 2215

<211> 360

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-H

<400> 2215

gaagttcagc tggtggaatc cgggggagag cttgttcagc ctggcggatc acttaggctg 60

tcctgtgctg caagcggctt caccttctct agctatgcca tgtcatgggt gcgacaggcc 120

cctggaaaag gactggagtg ggtctcacgt atctctccaa gtggcggatc cacatactac 180

gccgatagcg tgaaagggag gtttaccatt tccgctgaca cctccaagaa caccgcctac 240

ctgcagatga actcactgag agccgaagac actgccgtgt actattgcgc acgggaggag 300

tactactatt ggggagctat ggacgtgtgg ggacagggaa cattggtgac tgtgtcttcc 360

360

<210> 2216

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-L

<400> 2216

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 Ser Ile Ser Ser Tyr
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala 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 Tyr Ser Ser Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 2217

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-LCDR1

<400> 2217

Arg Ala Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ala
1 5 10

<210> 2218

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-LCDR2

<400> 2218

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Ser

1 5

<210> 2219

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-LCDR3

<400> 2219

Gln Gln Tyr Tyr Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 2220

<211> 321

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-L

<400> 2220

gatatccaga tgacacagag cccaagctca ctgagcgcta gcgtcggaga tagagtcacc 60

atcacctgta gggcaagcca gagcatctct agctacctgg catggtacca gcagaaacct 120

ggcaaggctc ccaagctcct gatctacggc gcttcatcta gagctagcgg cgttccctca 180

cgatttagcg gaagcggaag cggaactgac ttcaccctga ccatttcaag cctccagcct 240

gaggatttcg ccacctacta ctgccagcag tactactcta gcccactcac atttgggcag 300

gggacaaagg tggagatcaa g 321

<210> 2221

<211> 242

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-HL

<400> 2221

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Glu Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr

20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Ser Arg Ile Ser Pro Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Glu Glu Tyr Tyr Tyr Trp Gly Ala Met Asp Val Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser

130 135 140

Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala

145 150 155 160

Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

165 170 175

Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly

180 185 190

Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu

195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

210 215 220

Gln Tyr Tyr Ser Ser Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu

225 230 235 240

Ile Lys

<

210> 2222

<211> 726

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24-HL

<400> 2222

gaagttcagc tggtggaatc cgggggagag cttgttcagc ctggcggatc acttaggctg 60

tcctgtgctg caagcggctt caccttctct agctatgcca tgtcatgggt gcgacaggcc 120

cctggaaaag gactggagtg ggtctcacgt atctctccaa gtggcggatc cacatactac 180

gccgatagcg tgaaagggag gtttaccatt tccgctgaca cctccaagaa caccgcctac 240

ctgcagatga actcactgag agccgaagac actgccgtgt actattgcgc acgggaggag 300

tactactatt ggggagctat ggacgtgtgg ggacagggaa cattggtgac tgtgtcttcc 360

ggtggcggag gaagcggagg tggcggaagc ggaggcggtg gaagcgatat ccagatgaca 420

cagagcccaa gctcactgag cgctagcgtc ggagatagag tcaccatcac ctgtagggca 480

agccagagca tctctagcta cctggcatgg taccagcaga aacctggcaa ggctcccaag 540

ctcctgatct acggcgcttc atctagagct agcggcgttc cctcacgatt tagcggaagc 600

ggaagcggaa ctgacttcac cctgaccatt tcaagcctcc agcctgagga tttcgccacc 660

tactactgcc agcagtacta ctctagccca ctcacatttg ggcaggggac aaaggtggag 720

atcaag 726

<210> 2223

<211> 497

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> IGF1R24HLxI2CHL

<400> 2223

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Glu Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Ser Tyr
20 25 30

Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45

Ser Arg Ile Ser Pro Ser Gly Gly Ser Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60

Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Ala Asp Thr Ser Lys Asn Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Glu Glu Tyr Tyr Tyr Trp Gly Ala Met Asp Val Trp Gly Gln

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

115 120 125

Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser

130 135 140

Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala

145 150 155 160

Ser Gln Ser Ile Ser Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly

165 170 175

Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Ser Gly

180 185 190

Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu

195 200 205

Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln

210 215 220

Gln Tyr Tyr Ser Ser Pro Leu Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu

225 230 235 240

Ile Lys Ser Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly

245 250 255

Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Lys Leu Ser Cys Ala Ala

260 265 270

Ser Gly Phe Thr Phe Asn Lys Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala

275 280 285

Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn

290 295 300

Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Asp Arg Phe Thr Ile

305 310 315 320

Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Ala Tyr Leu Gln Met Asn Asn Leu

325 330 335

Lys Thr Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe
340 345 350
Gly Asn Ser Tyr Ile Ser Tyr Trp Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu
355 360 365
Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
370 375 380
Gly Gly Gly Ser Gln Thr Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val
385 390 395 400

Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala
405 410 415
Val Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Gln
420 425 430
Ala Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Lys Phe Leu Ala Pro Gly Thr
435 440 445
Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr
450 455 460
Leu Ser Gly Val Gln Pro Glu Asp Glu Ala Glu Tyr Tyr Cys Val Leu

465 470 475 480
Trp Tyr Ser Asn Arg Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val
485 490 495
Leu

<210> 2224
<211> 1491
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> IGF1R24HLxI2CHL
<400> 2224
gaagttcagc tggtggaatc cgggggagag cttgttcagc ctggcggatc acttaggctg 60
tcctgtgctg caagcggctt caccttctct agctatgcca tgtcatgggt gcgacaggcc 120
cctggaaaag gactggagtg ggtctcacgt atctctccaa gtggcggatc cacatactac 180

gccgatagcg tgaaagggag gtttaccatt tccgctgaca cctccaagaa caccgcctac 240

ctgcagatga actcactgag agccgaagac actgccgtgt actattgcgc acgggaggag 300

tactactatt ggggagctat ggacgtgtgg ggacagggaa cattggtgac tgtgtcttcc 360

ggtggcggag gaagcggagg tggcggaagc ggaggcggtg gaagcgatat ccagatgaca 420

cagagcccaa gctcactgag cgctagcgtc ggagatagag tcaccatcac ctgtagggca 480

agccagagca tctctagcta cctggcatgg taccagcaga aacctggcaa ggctcccaag 540

ctcctgatct acggcgcttc atctagagct agcggcgttc cctcacgatt tagcggaagc 600

ggaagcggaa ctgacttcac cctgaccatt tcaagcctcc agcctgagga tttcgccacc 660

tactactgcc agcagtacta ctctagccca ctcacatttg ggcaggggac aaaggtggag 720

atcaagtccg gaggtggtgg atccgaggtg cagctggtcg agtctggagg aggattggtg 780

cagcctggag ggtcattgaa actctcatgt gcagcctctg gattcacctt caataagtac 840

gccatgaact gggtccgcca ggctccagga aagggtttgg aatgggttgc tcgcataaga 900

agtaaatata ataattatgc aacatattat gccgattcag tgaaagacag gttcaccatc 960

tccagagatg attcaaaaaa cactgcctat ctacaaatga acaacttgaa gactgaggac 1020

actgccgtgt actactgtgt gagacatggg aacttcggta atagctacat atcctactgg 1080

gcttactggg gccaagggac tctggtcacc gtctcctcag gtggtggtgg ttctggcggc 1140

ggcggctccg gtggtggtgg ttctcagact gttgtgactc aggaaccttc actcaccgta 1200

tcacctggtg gaacagtcac actcacttgt ggctcctcga ctggggctgt tacatctggc 1260

aactacccaa actgggtcca acaaaaacca ggtcaggcac cccgtggtct aataggtggg 1320

actaagttcc tcgcccccgg tactcctgcc agattctcag gctccctgct tggaggcaag 1380

gctgccctca ccctctcagg ggtacagcca gaggatgagg cagaatatta ctgtgttcta 1440

tggtacagca accgctgggt gttcggtgga ggaaccaaac tgactgtcct a 1491

<210> 2225

<211> 27

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis CD3 1-27

<400> 2225

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Ser Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Gln

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Ile Leu Thr Cys

20 25

<210> 2226

<211> 27

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis CD3 1-27

<400> 2226

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Ser Ile Thr Gln Thr Pro Tyr Gln

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr

20 25

<210> 2227

<211> 27

<212> PRT

<213> Macaca mulatta CD3 1-27

<400> 2227

Gln Asp Gly Asn Glu Glu Met Gly Ser Ile Thr Gln Thr Pro Tyr His

1 5 10 15

Val Ser Ile Ser Gly Thr Thr Val Ile Leu Thr

20 25