

**(19) 대한민국특허청(KR)**  
**(12) 공개특허공보(A)****(11) 공개번호** 10-2020-0109339  
**(43) 공개일자** 2020년09월22일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)  
**C07K 16/28** (2006.01) **A61K 39/00** (2006.01)  
**A61P 35/00** (2006.01)

(52) CPC특허분류  
**C07K 16/2803** (2013.01)  
**A61P 35/00** (2018.01)

(21) 출원번호 **10-2020-7023142**  
(22) 출원일자(국제) **2019년01월15일**  
심사청구일자 **없음**

(85) 번역문제출일자 **2020년08월11일**  
(86) 국제출원번호 **PCT/US2019/013638**  
(87) 국제공개번호 **WO 2019/143607**  
국제공개일자 **2019년07월25일**

(30) 우선권주장  
62/617,828 2018년01월16일 미국(US)  
(뒷면에 계속)

(71) 출원인  
**브리스톨-마이어스 스텝 컴퍼니**  
미국 뉴저지 (우편번호 08540-4000) 프린스턴 루트 206 앤드 프로빈스 라인 로드 피.오. 박스 4000

(72) 발명자  
**셰비에, 샤오 민**  
미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700  
**셀비, 마크 제이.**  
미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700  
(뒷면에 계속)

(74) 대리인  
**양영준, 심미성**

전체 청구항 수 : 총 65 항

**(54) 발명의 명칭** TIM3에 대한 항체를 사용하여 암을 치료하는 방법**(57) 요약**

본 개시내용은 종양 또는 암을 앓고 있는 대상체에게 치료 유효량의 항-TIM3 항체를 단독으로 또는 PD-1 신호전달 경로의 억제제 (예를 들어, 항-PD-1 항체)와 조합하여 투여하는 것을 포함하는, 종양 또는 암을 앓고 있는 대상체를 치료하는 방법을 제공한다. 일부 실시양태에서, 항체는 균일 용량 또는 체중-기준 용량으로 투여된다.

(52) CPC특허분류

*C07K 16/2818* (2013.01)  
*C07K 16/2827* (2013.01)  
*C07K 16/2878* (2013.01)  
*A61K 2039/507* (2013.01)

(30) 우선권주장

62/618,561 2018년01월17일 미국(US)  
 62/633,477 2018년02월21일 미국(US)

(72) 발명자

**한, 미셸 민후아**

미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700

**비, 크리스틴**

미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700

**땡, 앤디 엑스.**

미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700

**퀸타라파이, 아난**

미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700

**드보, 브리기테**

미국 94306 캘리포니아주 팔로 알토 델루스 서클 320

**리, 후이밍**

미국 02420 매사추세츠주 렉싱턴 그로브 스트리트 91

**세퍼드, 폴 오.**

미국 98252 워싱턴주 그라니테 팔스 278번 드라이브 노스이스트 13532

**코먼, 알란 제이.**

미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700

**아트도렐, 다니엘 에프.**

미국 98077 워싱턴주 우딘빌 201번 애비뉴 노스이스트 19010

**데야노바, 예카테리나**

미국 08543 뉴저지주 프린스턴 루트 206 앤드 프로빈스 라인 로드

**후앙, 리처드**

미국 08543 뉴저지주 프린스턴 루트 206 앤드 프로빈스 라인 로드

**첸, 귀둥**

미국 08543 뉴저지주 프린스턴 루트 206 앤드 프로빈스 라인 로드

**쿠네, 미셸**

미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700

**트롱, 홍-안**

미국 94063 캘리포니아주 레드우드 시티 베이 로드 700

**파타, 폴리아나**

미국 08543 뉴저지주 프린스턴 루트 206 앤드 프로빈스 라인 로드

**잭슨, 제프리 알.**

미국 08543 뉴저지주 프린스턴 루트 206 앤드 프로빈스 라인 로드

---

플레밍, 로널드 에이.

미국 08543 뉴저지주 프린스턴 루트 206 앤드 프로  
빈스 라인 로드

---

## 명세서

### 청구범위

#### 청구항 1

종양을 앓고 있는 대상체에게 인간 T-세포 이뮤노글로불린 및 뮤신-도메인 함유-3 (TIM3)에 특이적으로 결합하여 예를 들어 TIM3 활성을 억제하는 항체 ("항-TIM3 항체")의 치료 유효량을 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 약 4 mg 내지 약 960 mg 범위의 균일 용량 또는 약 0.05 mg/kg 내지 약 12 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여되는 것인, 종양을 앓고 있는 대상체를 치료하는 방법.

#### 청구항 2

제1항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 8 mg 내지 약 800 mg, 약 24 mg 내지 약 800 mg, 약 72 mg 내지 약 800 mg, 약 200 mg 내지 약 800 mg, 약 240 mg 내지 약 800 mg, 약 300 mg 내지 약 800 mg, 약 360 mg 내지 약 800 mg, 약 400 mg 내지 약 800 mg, 약 480 mg 내지 약 800 mg, 8 mg 내지 약 640 mg, 약 24 mg 내지 약 640 mg, 약 72 mg 내지 약 640 mg, 약 200 mg 내지 약 640 mg, 약 240 mg 내지 약 640 mg, 약 300 mg 내지 약 640 mg, 약 360 mg 내지 약 640 mg, 약 400 mg 내지 약 640 mg, 약 480 mg 내지 약 640 mg, 8 mg 내지 약 500 mg, 약 24 mg 내지 약 500 mg, 약 72 mg 내지 약 500 mg, 약 200 mg 내지 약 500 mg, 약 240 mg 내지 약 500 mg, 약 300 mg 내지 약 500 mg, 약 360 mg 내지 약 500 mg, 약 400 mg 내지 약 500 mg, 약 480 mg 내지 약 500 mg, 약 240 mg 내지 약 480 mg, 또는 약 360 mg 내지 약 480 mg 범위의 균일 용량 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 3

제1항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 0.1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 7 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 8 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 9 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 7 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 또는 약 5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 4

제1항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 8 mg, 약 24 mg, 약 50 mg, 약 72 mg, 약 100 mg, 약 150 mg, 약 200 mg, 약 240 mg, 약 250 mg, 약 300 mg, 약 350 mg, 약 360 mg, 약 400 mg, 약 450 mg, 약 480 mg, 약 500 mg, 약 540 mg, 약 560 mg, 약 600 mg, 약 640 mg, 약 650 mg, 약 660 mg, 약 700 mg, 약 720 mg, 약 750 mg, 약 760 mg 또는 약 800 mg의 균일 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 5

제1항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 0.1 mg/kg, 약 0.3 mg/kg, 약 0.9 mg/kg, 약 1 mg/kg, 약 2 mg/kg, 약 3 mg/kg, 약 4 mg/kg, 약 5 mg/kg, 약 6 mg/kg, 약 7 mg/kg, 약 8 mg/kg, 약 9 mg/kg, 약 10 mg/kg, 약 11 mg/kg 또는 약 12 mg/kg의 체중-기준 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 6

제1항 내지 제5항 중 어느 한 항에 있어서, 치료 유효량의 항-PD-1 항체를 투여하는 것을 추가로 포함하는 방법.

#### 청구항 7

제6항에 있어서, 항-PD-1 항체가 약 80 mg 내지 약 640 mg 범위의 균일 용량 또는 약 1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg



범위의 체중-기준 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 8

제6항 또는 제7항에 있어서, 항-PD-1 항체가 약 100 mg 내지 약 640 mg, 약 120 mg 내지 약 640 mg, 약 150 mg 내지 약 640 mg, 약 160 mg 내지 약 640 mg, 약 180 mg 내지 약 640 mg, 약 240 mg 내지 약 640 mg, 약 300 mg 내지 약 640 mg, 약 320 mg 내지 약 640 mg, 약 360 mg 내지 약 640 mg, 약 400 mg 내지 약 640 mg, 약 420 mg 내지 약 640 mg, 약 480 mg 내지 약 640 mg, 약 540 mg 내지 약 640 mg, 약 100 mg 내지 약 540 mg, 약 120 mg 내지 약 540 mg, 약 150 mg 내지 약 540 mg, 약 160 mg 내지 약 540 mg, 약 180 mg 내지 약 540 mg, 약 240 mg 내지 약 540 mg, 약 300 mg 내지 약 540 mg, 약 320 mg 내지 약 540 mg, 약 360 mg 내지 약 540 mg, 약 400 mg 내지 약 540 mg, 약 420 mg 내지 약 540 mg, 약 480 mg 내지 약 540 mg, 약 100 mg 내지 약 480 mg, 약 120 mg 내지 약 480 mg, 약 150 mg 내지 약 480 mg, 약 160 mg 내지 약 480 mg, 약 180 mg 내지 약 480 mg, 약 240 mg 내지 약 480 mg, 약 300 mg 내지 약 480 mg, 약 320 mg 내지 약 480 mg, 약 360 mg 내지 약 480 mg, 약 400 mg 내지 약 480 mg, 약 420 mg 내지 약 480 mg, 약 240 mg 내지 약 400 mg, 약 300 mg 내지 약 400 mg, 약 320 mg 내지 약 400 mg, 또는 약 360 mg 내지 약 400 mg 범위의 균일 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 9

제6항 내지 제8항 중 어느 한 항에 있어서, 항-PD-1 항체가 약 160 mg, 약 200 mg, 약 240 mg, 약 300 mg, 약 360 mg, 약 420 mg, 약 450 mg, 약 480 mg, 약 500 mg, 약 540 mg, 약 600 mg 또는 약 640 mg의 균일 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 10

제6항 또는 제7항에 있어서, 항-PD-1 항체가 약 1 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 2 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 5mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 또는 약 6 mg/kg 내지 약 7 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 11

제6항, 제7항 및 제10항 중 어느 한 항에 있어서, 항-PD-1 항체가 약 1 mg/kg, 약 2 mg/kg, 약 3 mg/kg, 약 4 mg/kg, 약 5 mg/kg, 약 6 mg/kg, 약 7 mg/kg 또는 약 8 mg/kg의 체중-기준 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 12

제1항 내지 제11항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 1, 2, 3, 4, 5 또는 6주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 13

제6항 내지 제11항 중 어느 한 항에 있어서, 항-PD-1 항체가 약 1, 2, 3, 4, 5 또는 6주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 14

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 200 mg의 균일 용량으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 15

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 16

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 800 mg의 균일 용량으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 17

제14항 내지 제16항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 4주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 18

제14항 내지 제16항 중 어느 한 항에 있어서, 항-PD-1 항체가 4주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 19

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 4 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 20

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 8 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 21

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 72 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 22

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 150 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 23

제6항 내지 제9항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체가 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 24

제6항 내지 제23항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 항-PD-1 항체의 투여 전에 대상체에게 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 25

제6항 내지 제23항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 항-PD-1 항체의 투여 후에 대상체에게 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 26

제6항 내지 제23항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체가 개별 조성물로 공동으로 투여되는 것인 방법.

#### 청구항 27

제6항 내지 제23항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체가 공동 투여를 위한 단일 조성물로서 혼합되는 것인 방법.

#### 청구항 28

제1항 내지 제27항 중 어느 한 항에 있어서, 종양이 방광암, 유방암, 자궁암/자궁경부암, 난소암, 전립선암, 고환암, 식도암, 위장암, 췌장암, 결장직장암, 결장암, 신장암, 두경부암, 신암, 폐암, 위암, 배세포암, 골암, 간암, 갑상선암, 피부암, 중추 신경계의 신생물, 림프종, 백혈병, 골수종, 육종, 바이러스-관련 암 및 그의 임의

의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된 암으로부터 유래된 것인 방법.

#### 청구항 29

제28항에 있어서, 암이 진행성, 재발성, 전이성 및/또는 불응성 암인 방법.

#### 청구항 30

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 신암 (예를 들어, 신세포 암종)인 방법.

#### 청구항 31

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 결장직장암 (예를 들어, 결장직장 암종)인 방법.

#### 청구항 32

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 폐암 (예를 들어, 비소세포 폐암)인 방법.

#### 청구항 33

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 두경부암 (예를 들어, 두경부의 편평세포 암종)인 방법.

#### 청구항 34

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 유방암 (예를 들어, 삼중 음성 유방암)인 방법.

#### 청구항 35

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 피부암 (예를 들어, 흑색종)인 방법.

#### 청구항 36

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 방광암 (예를 들어, 요로상피 암종)인 방법.

#### 청구항 37

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 림프종 (예를 들어, 전형적 호지킨 림프종)인 방법.

#### 청구항 38

제28항 또는 제29항에 있어서, 암이 간암 (예를 들어, 간세포성 암종)인 방법.

#### 청구항 39

제28항 내지 제38항 중 어느 한 항에 있어서, 암이 항혈관신생 치료 요법 (예를 들어, 수니티닙, 소라페닙, 파조파닙, 악시티닙, 티보자닙 및 베마시주맙), 전이성 및/또는 절제불가능한 질환을 위한 표준 전신 요법 (예를 들어, 옥살리플라틴 및 이리노테칸), 백금-기반 화학요법, 항-PD(L)-1 요법 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된 선행 암 요법에 대해 불응성인 방법.

#### 청구항 40

제1항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 종양이 인간 TIM3을 발현하는 1개 이상의 세포를 포함하는 것인 방법.

#### 청구항 41

제1항 내지 제40항 중 어느 한 항에 있어서, 종양이 PD-L1, PD-L2 또는 둘 다를 발현하는 1개 이상의 세포를 포함하는 것인 방법.

#### 청구항 42

제1항 내지 제41항 중 어느 한 항에 있어서, 대상체가 초기 투여 후 적어도 약 1개월, 적어도 약 2개월, 적어도 약 3개월, 적어도 약 4개월, 적어도 약 5개월, 적어도 약 6개월, 적어도 약 7개월, 적어도 약 8개월, 적어도 약

9개월, 적어도 약 10개월, 적어도 약 11개월, 적어도 약 1년, 적어도 약 18개월, 적어도 약 2년, 적어도 약 3년, 적어도 약 4년 또는 적어도 약 5년의 무진행 생존을 나타내는 것인 방법.

#### 청구항 43

제1항 내지 제42항 중 어느 한 항에 있어서, 투여가 투여 전 종양의 크기에 비해 종양의 크기를 감소시키는 것인 방법.

#### 청구항 44

제43항에 있어서, 종양의 크기가 투여 전 종양의 크기와 비교하여 적어도 약 20%, 적어도 약 25%, 적어도 약 30%, 적어도 약 35%, 적어도 약 40%, 적어도 약 45%, 적어도 약 50%, 적어도 약 55%, 적어도 약 60%, 적어도 약 65%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95% 또는 약 100%만큼 감소되는 것인 방법.

#### 청구항 45

제1항 내지 제44항 중 어느 한 항에 있어서, 투여가 종양에서의 종양 침윤 림프구 (TIL)의 증식을 유도하는 것인 방법.

#### 청구항 46

제6항 내지 제45항 중 어느 한 항에 있어서, 항-PD-1 항체가 니볼루맵과 교차-경쟁하는 것인 방법.

#### 청구항 47

제6항 내지 제45항 중 어느 한 항에 있어서, 항-PD-1 항체가 니볼루맵인 방법.

#### 청구항 48

제1항 내지 제47항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 표 2로부터 선택된 참조 항체와 인간 TIM3에의 결합에 대해 교차-경쟁하는 것인 방법.

#### 청구항 49

제1항 내지 제48항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 HDX에 의해 결정 시 참조 항체와 동일한 에피토프에서의 인간 TIM3에 결합하는 것인 방법.

#### 청구항 50

제1항 내지 제49항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3 및 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하며, 여기서

(i) 중쇄 CDR1은 서열식별번호: 41, 서열식별번호: 42, 서열식별번호: 43, 서열식별번호: 44 및 서열식별번호: 45로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;

(ii) 중쇄 CDR2는 서열식별번호: 46, 서열식별번호: 122, 서열식별번호: 123, 서열식별번호: 124, 서열식별번호: 47, 서열식별번호: 125, 서열식별번호: 48, 서열식별번호: 49, 서열식별번호: 50, 서열식별번호: 51, 서열식별번호: 52, 서열식별번호: 413 및 서열식별번호: 415로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;

(iii) 중쇄 CDR3은 서열식별번호: 53, 서열식별번호: 126, 서열식별번호: 127, 서열식별번호: 128, 서열식별번호: 129, 서열식별번호: 128, 서열식별번호: 54, 서열식별번호: 55, 서열식별번호: 56, 서열식별번호: 57, 서열식별번호: 58, 서열식별번호: 59, 서열식별번호: 414 및 서열식별번호: 416으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;

(iv) 경쇄 CDR1은 서열식별번호: 64 및 서열식별번호: 65로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;

(v) 경쇄 CDR2는 서열식별번호: 66 및 서열식별번호: 67로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하

고/거나;

(vi) 경쇄 CDR3은 서열식별번호: 68, 서열식별번호: 69, 서열식별번호: 70, 서열식별번호: 71 및 서열식별번호: 419로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 것인

방법.

#### 청구항 51

제1항 내지 제50항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3 및 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하며, 여기서

(a1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a3) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 123 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a4) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 124 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a5) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 126의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a6) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 127의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a7) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 128의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a8) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 129의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a9) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 128의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(a10) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 126의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(b1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 42, 47 및 54의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;

(b2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 42, 125 및 54의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;

(c) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 43, 48 및 55의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;

(d) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 44, 49 및 56의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(e1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;

(e2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 71의 아미노산 서열을 포함하거나;

(e3) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 65, 67 및 70의 아미노산 서열을 포함하거나;

(f) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 51 및 58의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(g) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 52 및 59의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;

(h) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 413 및 414의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;

(i1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 415 및 416의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

(i2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 415 및 416의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 419의 아미노산 서열을 포함하는 것인

방법.

## 청구항 52

제1항 내지 제51항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가

(1) 서열식별번호: 34, 서열식별번호: 112, 서열식별번호: 113, 서열식별번호: 114, 서열식별번호: 115, 서열식별번호: 116, 서열식별번호: 117, 서열식별번호: 118, 서열식별번호: 119, 서열식별번호: 364, 서열식별번호: 35, 서열식별번호: 120, 서열식별번호: 36, 서열식별번호: 37, 서열식별번호: 38, 서열식별번호: 121; 서열식별번호: 39, 서열식별번호: 40, 서열식별번호: 410, 서열식별번호: 411 및 서열식별번호: 412로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역; 및/또는

(2) 서열식별번호: 60, 서열식별번호: 61, 서열식별번호: 62, 서열식별번호: 63; 서열식별번호: 417 및 서열식별번호: 418로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역

을 포함하는 것인 방법.

## 청구항 53

제1항 내지 제52항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 IgG1, IgG2, IgG3, IgG4 및 그의 변이체로 이루어진 군으로부터 선택된 것인 방법.

## 청구항 54

제53항에 있어서, 항-TIM3 항체가 IgG1 항체인 방법.

## 청구항 55

제54항에 있어서, 항-TIM3 항체가 무이펙터 IgG1 Fc를 포함하는 것인 방법.

## 청구항 56

제1항 내지 제55항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가

(1) 서열식별번호: 15 (또는 22), 서열식별번호: 92 (또는 102), 서열식별번호: 93 (또는 103), 서열식별번호: 94 (또는 104), 서열식별번호: 95 (또는 105), 서열식별번호: 96 (또는 106), 서열식별번호: 97 (또는 107), 서열식별번호: 98 (또는 108), 서열식별번호: 99 또는 (109), 서열식별번호: 351 (또는 352), 서열식별번호: 16 (또는 23), 서열식별번호: 100 또는 (110), 서열식별번호: 17 (또는 24), 서열식별번호: 18 (또는 25), 서열식별번호: 19 (또는 26), 서열식별번호: 101 (또는 111), 서열식별번호: 20 (또는 27), 서열식별번호: 21 (또는 28), 서열식별번호: 390 (또는 391), 서열식별번호: 398 (또는 399) 및 서열식별번호: 404 (또는 405)로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄; 및/또는

(2) 서열식별번호: 29, 서열식별번호: 30, 서열식별번호: 33, 및 서열식별번호: 408로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄

를 포함하는 것인 방법.

## 청구항 57

제1항 내지 제56항 중 어느 한 항에 있어서, 항-TIM3 항체가 중쇄 및 경쇄를 포함하며, 여기서

- (a1) 중쇄는 서열식별번호: 15 (또는 22)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a2) 중쇄는 서열식별번호: 92 (또는 102)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a3) 중쇄는 서열식별번호: 93 (또는 103)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a4) 중쇄는 서열식별번호: 94 (또는 104)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a5) 중쇄는 서열식별번호: 95 (또는 105)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a6) 중쇄는 서열식별번호: 96 (또는 106)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a7) 중쇄는 서열식별번호: 97 (또는 107)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a8) 중쇄는 서열식별번호: 98 (또는 108)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a9) 중쇄는 서열식별번호: 99 또는 (109)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (a10) 중쇄는 서열식별번호: 351 (또는 352)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (b1) 중쇄는 서열식별번호: 16 (또는 23)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (b2) 중쇄는 서열식별번호: 100 또는 (110)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (c) 중쇄는 서열식별번호: 17 (또는 24)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (d) 중쇄는 서열식별번호: 18 (또는 25)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (e1) 중쇄는 서열식별번호: 19 (또는 26)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 33의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (e2) 중쇄는 서열식별번호: 101 (또는 111)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 33의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (f) 중쇄는 서열식별번호: 20 (또는 27)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (g) 중쇄는 서열식별번호: 21 (또는 28)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (h) 중쇄는 서열식별번호: 390 (또는 391)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 408의 아미노산 서열을 포함하거나;
- (i1) 중쇄는 서열식별번호: 398 (또는 399)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산

서열을 포함하거나;

(i2) 중쇄는 서열식별번호: 404 (또는 405)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하는 것인

방법.

#### 청구항 58

제1항 내지 제57항 중 어느 한 항에 있어서, 투여가 추가의 치료제와 조합되어 수행되는 것인 방법.

#### 청구항 59

제58항에 있어서, 추가의 치료제가 화학요법, 방사선, 수술, 호르몬 박탈, 혈관신생 억제제, 추가의 면역 체크포인트 억제제 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된 것인 방법.

#### 청구항 60

제59항에 있어서, 추가의 면역 체크포인트 억제제가 항-LAG-3 항체, 항-CTLA-4 항체, 항-GITR 항체 또는 항-PD-L1 항체를 포함하는 것인 방법.

#### 청구항 61

제1항 내지 제60항 중 어느 한 항에 있어서, 대상체가, 예를 들어 고형 종양 조직학에 따른 진행성 또는 전이성 세팅에서 적어도 1종의 표준 치료 요법을 받은 다음, 진행되었거나, 재발되었거나 또는 그에 대해 불내성인 방법.

#### 청구항 62

제1항 내지 제61항 중 어느 한 항에 있어서, 종양이 고형 종양을 포함하는 것인 방법.

#### 청구항 63

제1항 내지 제62항 중 어느 한 항에 있어서, 종양이 진행성인 고형 종양을 포함하는 것인 방법.

#### 청구항 64

제1항 내지 제63항 중 어느 한 항에 있어서, 종양이 확산된 고형 종양을 포함하는 것인 방법.

#### 청구항 65

제1항 내지 제64항 중 어느 한 항에 있어서, 종양이 진행성 악성 종양을 포함하는 것인 방법.

### 발명의 설명

### 기술 분야

[0001] EFS-웹을 통해 전자적으로 제출된 서열 목록에 대한 참조

[0002] 본 출원과 함께 출원된 ASCII 텍스트 파일 (파일명: 3338\_117PC03\_SequenceListing\_ST25.txt; 크기: 913,417 바이트; 및 생성일: 2019년 1월 14일)의 전자적으로 제출된 서열 목록의 내용은 그 전문이 본원에 참조로 포함된다.

### 발명의 내용

[0003] 종양 또는 암을 앓고 있는 대상체에게 인간 T-세포 이뮤노글로불린 및 뮤신-도메인 함유-3 (TIM3)에 특이적으로 결합하여 예를 들어 TIM3 활성을 억제하는 항체 ("항-TIM3 항체")의 치료 유효량을 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 약 4 mg 내지 약 960 mg 범위의 균일 용량 또는 약 0.05 mg/kg 내지 약 12 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여되는 것인, 종양을 치료하거나 종양 또는 암을 앓고 있는 대상체를 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0004] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 8 mg 내지 약 800 mg, 약 24 mg 내지 약 800 mg, 약 72 mg 내지 약 800



mg, 약 200 mg 내지 약 800 mg, 약 240 mg 내지 약 800 mg, 약 300 mg 내지 약 800 mg, 약 360 mg 내지 약 800 mg, 약 400 mg 내지 약 800 mg, 약 480 mg 내지 약 800 mg, 8 mg 내지 약 640 mg, 약 24 mg 내지 약 640 mg, 약 72 mg 내지 약 640 mg, 약 200 mg 내지 약 640 mg, 약 240 mg 내지 약 640 mg, 약 300 mg 내지 약 640 mg, 약 360 mg 내지 약 640 mg, 약 400 mg 내지 약 640 mg, 약 480 mg 내지 약 640 mg, 8 mg 내지 약 500 mg, 약 24 mg 내지 약 500 mg, 약 72 mg 내지 약 500 mg, 약 200 mg 내지 약 500 mg, 약 240 mg 내지 약 500 mg, 약 300 mg 내지 약 500 mg, 약 360 mg 내지 약 500 mg, 약 400 mg 내지 약 500 mg, 약 480 mg 내지 약 500 mg, 약 240 mg 내지 약 480 mg, 또는 약 360 mg 내지 약 480 mg 범위의 균일 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 8 mg, 약 24 mg, 약 50 mg, 약 72 mg, 약 100 mg, 약 150 mg, 약 200 mg, 약 240 mg, 약 250 mg, 약 300 mg, 약 350 mg, 약 360 mg, 약 400 mg, 약 450 mg, 약 480 mg, 약 500 mg, 약 540 mg, 약 560 mg, 약 600 mg, 약 640 mg, 약 650 mg, 약 660 mg, 약 700 mg, 약 720 mg, 약 750 mg, 약 760 mg 또는 약 800 mg의 균일 용량으로 투여된다.

[0005] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 0.1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 7 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 8 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 9 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 7 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 또는 약 5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 0.1 mg/kg, 약 0.3 mg/kg, 약 0.9 mg/kg, 약 1 mg/kg, 약 2 mg/kg, 약 3 mg/kg, 약 4 mg/kg, 약 5 mg/kg, 약 6 mg/kg, 약 7 mg/kg, 약 8 mg/kg, 약 9 mg/kg, 약 10 mg/kg, 약 11 mg/kg 또는 약 12 mg/kg의 체중-기준 용량으로 투여된다.

[0006] 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 방법은 치료 유효량의 항-PD-1 항체를 투여하는 것을 추가로 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 약 80 mg 내지 약 640 mg 범위의 균일 용량 또는 약 1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여된다.

[0007] 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 약 100 mg 내지 약 640 mg, 약 120 mg 내지 약 640 mg, 약 150 mg 내지 약 640 mg, 약 160 mg 내지 약 640 mg, 약 180 mg 내지 약 640 mg, 약 240 mg 내지 약 640 mg, 약 300 mg 내지 약 640 mg, 약 320 mg 내지 약 640 mg, 약 360 mg 내지 약 640 mg, 약 400 mg 내지 약 640 mg, 약 420 mg 내지 약 640 mg, 약 480 mg 내지 약 640 mg, 약 540 mg 내지 약 640 mg, 약 100 mg 내지 약 540 mg, 약 120 mg 내지 약 540 mg, 약 150 mg 내지 약 540 mg, 약 160 mg 내지 약 540 mg, 약 180 mg 내지 약 540 mg, 약 240 mg 내지 약 540 mg, 약 300 mg 내지 약 540 mg, 약 320 mg 내지 약 540 mg, 약 360 mg 내지 약 540 mg, 약 400 mg 내지 약 540 mg, 약 420 mg 내지 약 540 mg, 약 480 mg 내지 약 540 mg, 약 100 mg 내지 약 480 mg, 약 120 mg 내지 약 480 mg, 약 150 mg 내지 약 480 mg, 약 160 mg 내지 약 480 mg, 약 180 mg 내지 약 480 mg, 약 240 mg 내지 약 480 mg, 약 300 mg 내지 약 480 mg, 약 320 mg 내지 약 480 mg, 약 360 mg 내지 약 480 mg, 약 400 mg 내지 약 480 mg, 약 420 mg 내지 약 480 mg, 약 240 mg 내지 약 400 mg, 약 300 mg 내지 약 400 mg, 약 320 mg 내지 약 400 mg, 또는 약 360 mg 내지 약 400 mg 범위의 균일 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 약 160 mg, 약 200 mg, 약 240 mg, 약 300 mg, 약 360 mg, 약 420 mg, 약 450 mg, 약 480 mg, 약 500 mg, 약 540 mg, 약 600 mg 또는 약 640 mg의 균일 용량으로 투여된다.

[0008] 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 약 1 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 2 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 또는 약 6 mg/kg 내지 약 7 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 약 1 mg/kg, 약 2 mg/kg, 약 3 mg/kg, 약 4 mg/kg, 약 5 mg/kg, 약 6 mg/kg, 약 7 mg/kg 또는 약 8 mg/kg의 체중-기준 용량으로 투여된다.

[0009] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 1, 2, 3, 4, 5 또는 6주의 투여 간격으로 투여된다. 일부

실시양태에서, 항-PD-1 항체는 약 1, 2, 3, 4, 5 또는 6주의 투여 간격으로 투여된다.

- [0010] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 200 mg의 균일 용량으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 800 mg의 균일 용량으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 4주의 투여 간격으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 4주의 투여 간격으로 투여된다.
- [0011] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 4 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 8 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 72 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 150 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 480 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여된다.
- [0012] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 항-PD-1 항체의 투여 전에 대상체에게 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 항-PD-1 항체의 투여 후에 대상체에게 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체는 개별 조성물로 공동으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체는 공동 투여를 위한 단일 조성물로서 혼합된다.
- [0013] 일부 실시양태에서, 종양은 방광암, 유방암, 자궁암/자궁경부암, 난소암, 전립선암, 고환암, 식도암, 위장암, 췌장암, 결장직장암, 결장암, 신장암, 두경부암, 신암, 폐암, 위암, 배세포암, 골암, 간암, 갑상선암, 피부암, 중추 신경계의 신생물, 림프종, 백혈병, 골수종, 육종, 바이러스-관련 암 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된 암으로부터 유래된다. 일부 실시양태에서, 암은 진행성, 재발성, 전이성 및/또는 불응성 암이다. 일부 실시양태에서, 암은 신암 (예를 들어, 신세포 암종)이다. 일부 실시양태에서, 암은 결장직장암 (예를 들어, 결장직장 암종)이다. 일부 실시양태에서, 암은 폐암 (예를 들어, 비소세포 폐암)이다. 일부 실시양태에서, 암은 두경부암 (예를 들어, 두경부의 편평세포 암종)이다. 일부 실시양태에서, 암은 유방암 (예를 들어, 삼중 음성 유방암)이다. 일부 실시양태에서, 암은 피부암 (예를 들어, 흑색종)이다. 일부 실시양태에서, 암은 방광암 (예를 들어, 요로상피 암종)이다. 일부 실시양태에서, 암은 림프종 (예를 들어, 전형적 호지킨 림프종)이다. 일부 실시양태에서, 암은 간암 (예를 들어, 간세포성 암종)이다.
- [0014] 일부 실시양태에서, 암은 항혈관신생 치료 요법 (예를 들어, 수니티닙, 소라페닙, 파조파닙, 악시티닙, 티보자닙 및 베바시주맙), 전이성 및/또는 절제불가능한 질환을 위한 표준 전신 요법 (예를 들어, 옥살리플라틴 및 이리노테칸), 백금-기반 화학요법, 항-PD(L)-1 요법 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된 선행 암 요법에 대해 불응성이다.
- [0015] 일부 실시양태에서, 종양은 인간 TIM3을 발현하는 1개 이상의 세포를 포함한다. 일부 실시양태에서, 종양은 PD-L1, PD-L2 또는 둘 다를 발현하는 1개 이상의 세포를 포함한다.
- [0016] 일부 실시양태에서, 대상체는 초기 투여 후 적어도 약 1개월, 적어도 약 2개월, 적어도 약 3개월, 적어도 약 4개월, 적어도 약 5개월, 적어도 약 6개월, 적어도 약 7개월, 적어도 약 8개월, 적어도 약 9개월, 적어도 약 10개월, 적어도 약 11개월, 적어도 약 1년, 적어도 약 18개월, 적어도 약 2년, 적어도 약 3년, 적어도 약 4년 또는 적어도 약 5년의 무진행 생존을 나타낸다.
- [0017] 일부 실시양태에서, 투여는 투여 전 종양의 크기에 비해 종양의 크기를 감소시킨다. 일부 실시양태에서, 종양의 크기는 투여 전의 종양의 크기와 비교하여 적어도 약 20%, 적어도 약 25%, 적어도 약 30%, 적어도 약 35%, 적어도 약 40%, 적어도 약 45%, 적어도 약 50%, 적어도 약 55%, 적어도 약 60%, 적어도 약 65%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95% 또는 약 100%만큼 감소된다.
- [0018] 일부 실시양태에서, 투여는 종양에서의 종양 침윤 림프구 (TIL)의 증식을 유도한다.
- [0019] 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 니볼루맙과 교차-경쟁한다. 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 니볼루맙이다.

- [0020] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 표 2로부터 선택된 참조 항체와 인간 TIM3에의 결합에 대해 교차-경쟁한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 HDX에 의해 결정 시 참조 항체와 동일한 에피토프에서의 인간 TIM3에 결합한다.
- [0021] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3 및 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하며, 여기서
- [0022] (i) 중쇄 CDR1은 서열식별번호: 41, 서열식별번호: 42, 서열식별번호: 43, 서열식별번호: 44 및 서열식별번호: 45로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;
- [0023] (ii) 중쇄 CDR2는 서열식별번호: 46, 서열식별번호: 122, 서열식별번호: 123, 서열식별번호: 124, 서열식별번호: 47, 서열식별번호: 125, 서열식별번호: 48, 서열식별번호: 49, 서열식별번호: 50, 서열식별번호: 51, 서열식별번호: 52, 서열식별번호: 413 및 서열식별번호: 415로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;
- [0024] (iii) 중쇄 CDR3은 서열식별번호: 53, 서열식별번호: 126, 서열식별번호: 127, 서열식별번호: 128, 서열식별번호: 129, 서열식별번호: 128, 서열식별번호: 54, 서열식별번호: 55, 서열식별번호: 56, 서열식별번호: 57, 서열식별번호: 58, 서열식별번호: 59, 서열식별번호: 414 및 서열식별번호: 416으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;
- [0025] (iv) 경쇄 CDR1은 서열식별번호: 64 및 서열식별번호: 65로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;
- [0026] (v) 경쇄 CDR2는 서열식별번호: 66 및 서열식별번호: 67로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고/거나;
- [0027] (vi) 경쇄 CDR3은 서열식별번호: 68, 서열식별번호: 69, 서열식별번호: 70, 서열식별번호: 71 및 서열식별번호: 419로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함한다.
- [0028] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3 및 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하며, 여기서
- [0029] (a1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0030] (a2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0031] (a3) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 123 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0032] (a4) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 124 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0033] (a5) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 126의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0034] (a6) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 127의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0035] (a7) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 128의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0036] (a8) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 129의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0037] (a9) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 128의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0038] (a10) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 126의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0039] (b1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 42, 47 및 54의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1,

CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;

- [0040] (b2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 42, 125 및 54의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0041] (c) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 43, 48 및 55의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0042] (d) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 44, 49 및 56의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0043] (e1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0044] (e2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 71의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0045] (e3) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 65, 67 및 70의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0046] (f) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 51 및 58의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0047] (g) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 52 및 59의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0048] (h) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 413 및 414의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0049] (i1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 415 및 416의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0050] (i2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 415 및 416의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 419의 아미노산 서열을 포함한다.
- [0051] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 하기를 포함한다:
- [0052] (1) 서열식별번호: 34, 서열식별번호: 112, 서열식별번호: 113, 서열식별번호: 114, 서열식별번호: 115, 서열식별번호: 116, 서열식별번호: 117, 서열식별번호: 118, 서열식별번호: 119, 서열식별번호: 364, 서열식별번호: 35, 서열식별번호: 120, 서열식별번호: 36, 서열식별번호: 37, 서열식별번호: 38, 서열식별번호: 121; 서열식별번호: 39, 서열식별번호: 40, 서열식별번호: 410, 서열식별번호: 411 및 서열식별번호: 412로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 가변 영역; 및/또는
- [0053] (2) 서열식별번호: 60, 서열식별번호: 61, 서열식별번호: 62, 서열식별번호: 63; 서열식별번호: 417 및 서열식별번호: 418로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄 가변 영역.
- [0054] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 IgG1, IgG2, IgG3, IgG4 및 그의 변이체로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 IgG1 항체이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 무이펙터 IgG1 Fc를 포함한다.
- [0055] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 하기를 포함한다:
- [0056] (1) 서열식별번호: 15 (또는 22), 서열식별번호: 92 (또는 102), 서열식별번호: 93 (또는 103), 서열식별번호: 94 (또는 104), 서열식별번호: 95 (또는 105), 서열식별번호: 96 (또는 106), 서열식별번호: 97 (또는 107), 서열식별번호: 98 (또는 108), 서열식별번호: 99 또는 (109), 서열식별번호: 351 (또는 352), 서열식별번호: 16 (또는 23), 서열식별번호: 100 또는 (110), 서열식별번호: 17 (또는 24), 서열식별번호: 18 (또는 25), 서열식별번호: 19 (또는 26), 서열식별번호: 101 (또는 111), 서열식별번호: 20 (또는 27), 서열식별번호: 21 (또는 28), 서열식별번호: 390 (또는 391), 서열식별번호: 398 (또는 399) 및 서열식별번호: 404 (또는 405)로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는 중쇄; 및/또는
- [0057] (2) 서열식별번호: 29, 서열식별번호: 30, 서열식별번호: 33 및 서열식별번호: 408로 이루어진 군으로부터 선택

된 아미노산 서열을 포함하는 경쇄.

- [0058] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 중쇄 및 경쇄를 포함하며, 여기서
- [0059] (a1) 중쇄는 서열식별번호: 15 (또는 22)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0060] (a2) 중쇄는 서열식별번호: 92 (또는 102)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0061] (a3) 중쇄는 서열식별번호: 93 (또는 103)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0062] (a4) 중쇄는 서열식별번호: 94 (또는 104)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0063] (a5) 중쇄는 서열식별번호: 95 (또는 105)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0064] (a6) 중쇄는 서열식별번호: 96 (또는 106)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0065] (a7) 중쇄는 서열식별번호: 97 (또는 107)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0066] (a8) 중쇄는 서열식별번호: 98 (또는 108)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0067] (a9) 중쇄는 서열식별번호: 99 또는 (109)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0068] (a10) 중쇄는 서열식별번호: 351 (또는 352)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0069] (b1) 중쇄는 서열식별번호: 16 (또는 23)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0070] (b2) 중쇄는 서열식별번호: 100 또는 (110)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0071] (c) 중쇄는 서열식별번호: 17 (또는 24)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0072] (d) 중쇄는 서열식별번호: 18 (또는 25)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0073] (e1) 중쇄는 서열식별번호: 19 (또는 26)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 33의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0074] (e2) 중쇄는 서열식별번호: 101 (또는 111)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 33의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0075] (f) 중쇄는 서열식별번호: 20 (또는 27)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0076] (g) 중쇄는 서열식별번호: 21 (또는 28)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 30의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0077] (h) 중쇄는 서열식별번호: 390 (또는 391)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 408의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [0078] (i1) 중쇄는 서열식별번호: 398 (또는 399)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함하거나;



[0079] (i2) 중쇄는 서열식별번호: 404 (또는 405)의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄는 서열식별번호: 29의 아미노산 서열을 포함한다.

[0080] 일부 실시양태에서, 투여는 추가의 치료제와 조합되어 수행된다. 일부 실시양태에서, 추가의 치료제는 화학요법, 방사선, 수술, 호르몬 박탈, 혈관신생 억제제, 추가의 면역 체크포인트 억제제 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 실시양태에서, 추가의 면역 체크포인트 억제제는 항-LAG-3 항체, 항-CTLA-4 항체, 항-GITR 항체 또는 항-PD-L1 항체를 포함한다.

### 발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0081] 본 개시내용은 종양 또는 암을 앓고 있는 대상체에게 TIM3 활성을 억제하는 항-TIM3 항체를 투여하는 것을 포함하는, 종양을 치료하거나 종양 또는 암을 앓고 있는 대상체를 치료하는 방법에 관한 것이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 균일 용량 또는 체중-기준 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 또 다른 치료제 (예를 들어, PD-1 신호전달 경로의 억제제, 예를 들어 항-PD-1 항체)와 조합되어 투여된다. 일부 실시양태에서, 종양은 고형 종양, 예를 들어 진행성 및/또는 전이성 고형 종양이다.

[0082] 정의

[0083] 측면이 언어 "포함하는"을 사용하여 본원에 기재된 경우에, "로 이루어진" 및/또는 "로 본질적으로 이루어진"과 관련하여 기재된 다른 유사한 측면이 또한 제공되는 것으로 이해된다.

[0084] 달리 정의되지 않는 한, 본원에 사용된 모든 기술 과학 용어는 본 개시내용이 관련된 관련 기술분야의 통상의 기술자에 의해 통상적으로 이해되는 것과 동일한 의미를 갖는다. 예를 들어, 문헌 [the Concise Dictionary of Biomedicine and Molecular Biology, Juo, Pei-Show, 2nd ed., 2002, CRC Press; The Dictionary of Cell and Molecular Biology, 3rd ed., 1999, Academic Press; 및 the Oxford Dictionary Of Biochemistry And Molecular Biology, Revised, 2000, Oxford University Press]은 통상의 기술자에게 본 개시내용에 사용된 많은 용어에 대한 일반 사전들을 제공한다.

[0085] 용어 "약"은 대략적으로, 대략, 부근 또는 영역 내의 것을 의미하는 것으로 본원에 사용된다. 용어 "약"이 수치 범위와 함께 사용되는 경우에, 이는 경계를 기재된 수치 값 초과 및 미만으로 확장함으로써 범위를 변경한다. 일반적으로, 용어 "약"은 수치 값을 기재된 값 초과 및 미만으로, 예를 들어 10 퍼센트 위 또는 아래 (더 높거나 또는 더 낮은)의 변동치만큼 변경할 수 있다.

[0086] 본원에 사용된 "과용량"은 과도한 것 및 의학적으로 중요한 것 둘 다로 간주되는 제품의 임의의 용량의 우연한 또는 의도적인 투여를 지칭한다.

[0087] 본원에 사용된 "용량 제한 독성"은 명확한 대안적 원인이 확인되지 않는 AE의 발생률, 강도 및 지속기간에 기초하여 정의된다. DLT를 경험한 참여자는 연구 약물로 재치료되지 않을 것이고, 연구의 안전성 추적 기간에 진입할 것이다.

[0088] 일부 실시양태에서, 하기 연구 약물-관련 사건 중 어느 하나는 간 DLT로 간주될 것이다: (1) 담즙정체의 부재 하의 혈청 트랜스아미나제 (AST, ALT), 알칼리성 포스파타제 (ALP) 또는 총 빌리루빈의 등급 4 상승; (2) 담즙정체의 부재 하의 혈청 트랜스아미나제 (AST, ALT) 또는 알칼리성 포스파타제 (ALP)의 등급 3 상승, 5일보다 더 길게 지속됨; (3) 중후성 간 염증 (예를 들어, 우측 상부 4분면 압통, 황달 및 소양증)이 존재하는 AST 또는 ALT의 등급 2 상승; 또는 (4) 초기 담즙정체 소견이 부재하는 AST 또는 ALT > 3 x ULN 및 공동 총 빌리루빈 > 2 x ULN (상승된 ALP, 예를 들어 하이 범칙 또는 잠재적인 약물-유발 간 손상 [pDILI]의 FDA 정의와 일치하는 소견).

[0089] 일부 실시양태에서, 하기 연구 약물-관련 사건 중 어느 하나는 혈액 DLT로 간주될 것이다: (1) 등급 4 호중구감소증  $\geq$  7일의 지속기간; (2) 등급 4 혈소판감소증; (3) 출혈이 존재하는 등급 3 혈소판감소증, 또는 임의로 혈소판 수혈을 필요로 함; (4) 열성 호중구감소증; (5) 등급 3 용혈 (즉, 수혈 또는 의학적 개입, 예컨대 스테로이드를 필요로 함); 또는 (6) 기저 질환에 의해 설명되지 않는 등급 4 빈혈.

[0090] 일부 실시양태에서, 하기 연구 약물-관련 사건 중 어느 하나는 피부과적 DLT로 간주될 것이다: (1) 등급 4 발진; (2) 1 내지 2주 주입 지연 후 개선 (즉,  $\leq$  등급 1로 해소)이 없는 경우 등급 3 발진.

[0091] 일부 실시양태에서, 하기 사건 중 임의의 것이 DLT로 간주될 것이다: (1) 국소 요법에 반응하지 않고 후속 용량까지 등급 1 중증도로 개선되지 않거나 또는 전신 치료를 필요로 하는 등급 2 약물-관련 포도막염, 상공막염,

홍채염, 눈 통증 또는 흐린 시각; (2) 등급 3 약물-관련 포도막염, 상공막염, 홍채염, 폐장염, 기관지연축 또는 신경학적 독성; (3) 등급 4 과민 반응, 또는 < 6시간 내에 등급 1로 해소되지 않는 등급 3; (4) 5일 초과 지속되는 등급  $\geq 2$  결장염; (5) 48시간 초과 지속되는 등급  $\geq 3$  결장염; 또는 (6) 48시간 초과 지속되는 등급  $\geq 3$  결장염.

[0092] 일부 실시양태에서, 다른  $\geq$  등급 3 연구 약물-관련 독성은 하기를 제외하고 DLT로 간주될 것이다: (1) 연관된 임상 유해 경험에 의해 악화되지 않고, 72시간 미만 지속되며, 자발적으로 해소되거나 통상적인 의학적 개입에 반응하는 등급 3 전해질 이상; (2) 48시간 미만 지속되고, 자발적으로 해소되거나 통상적인 의학적 개입에 반응하는 등급 3 오심, 구토 또는 설사; (3) 체장염의 임상 또는 방사선촬영 증거와 연관되지 않은 아밀라제 또는 리파제의 등급 3 또는 등급 4 상승; (4) 혈류역학 손상 (예를 들어, 저혈압, 종말-기관 관류 장애의 임상 또는 실험실 증거)과 연관되지 않은 등급 3 열; (5) 호르몬 대체에 의해 잘 제어되는 등급 3 내분비병증; (6) 등급 3 종양 플레어 (기지의 또는 의심되는 종양 부위로 국제화되는 통증, 자극 또는 발진으로 정의됨); 및 (7) 등급 3 피로; 및 (8) < 6 시간 내에 등급 1로 복귀되는 등급  $\leq 3$  주입 반응.

[0093] 본원에 사용된 용어 "T-세포 이뮤노글로불린 및 뮤신-도메인 함유-3" 또는 "TIM3"은 단백질의 T 세포 이뮤노글로불린 및 뮤신 도메인 (TIM) 패밀리의 구성원인 수용체를 지칭한다. TIM3에 대한 주요 리간드는 포스포티딜세린 (TIM3-L)을 포함한다. TIM3은 또한 A형 간염 바이러스 세포 수용체 2 (HAVCR2), T-세포 이뮤노글로불린 뮤신 수용체 3, TIM-3, TIMD3, TIMD-3, 신장 손상 분자-3, KIM-3 및 CD366으로 지칭된다. 용어 "TIM3"은 세포에 의해 자연 발현되는 TIM3의 임의의 변이체 또는 이소형을 포함한다. 따라서, 본원에 기재된 항체는 인간 이외의 종으로부터의 TIM3 (예를 들어, 시노몰구스 TIM3)과 교차-반응할 수 있다. 대안적으로, 항체는 인간 TIM3에 대해 특이적일 수 있고, 다른 종과는 어떠한 교차-반응성도 나타내지 않을 수 있다. TIM3 또는 그의 임의의 변이체 및 이소형은 이들을 자연 발현시키는 세포 또는 조직으로부터 분리될 수 있거나 또는 관련 기술분야에 널리 공지된 기술 및/또는 본원에 기재된 것을 사용하여 제조합적으로 생산될 수 있다.

[0094] 인간 TIM3의 2종의 이소형이 확인되었다. 이소형 1 (수탁 번호 NP\_116171; 서열식별번호: 286)은 301개의 아미노산으로 이루어지고, 정규 서열을 나타낸다. 이소형 2 (수탁 번호 AAH20843; 서열식별번호: 287)는 142개의 아미노산으로 이루어지고, 가용성이다. 그것은 TIM3의 막횡단 도메인, 세포질 도메인 및 세포의 도메인의 일부를 코딩하는 아미노산 잔기 143-301이 결여되어 있다. 아미노산 잔기 132-142는 또한 상기 기재된 정규 서열과 상이하다.

[0095] 2종의 공지된 인간 TIM3 이소형의 아미노산 서열은 하기에 제공된다.

[0096] (A) 인간 TIM3 이소형 1 (수탁 번호 NP\_116171; 서열식별번호: 286; 이는 수탁 번호 NM\_032782.4; 서열식별번호: 288을 갖는 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩됨):

MFSHLPFDCVLLLLLLLLLSTRSSEVEYRAEVGNAYLPCFYTPAAPGNLVPVCWKGKACPVFECGNVVLRTD  
ERDVNYWTSRYWLNQDFRKGDVSLTIENVTLADSGIYCCRIQIPGIMNDEKFNKLVIKPAKVTPAPTRQR  
DFTAAFPRLTTRGHGPAETQTLGSLPDINLTQISTLANELRDSRLANDLRDSGATIRIGIYIGAGICAGL  
ALALIFGALIFKWSHSKEKIQNLSLISLANLPPSGLANAVAEGIRSEENIYTIENVYVEVEEPNEYCYV  
SSRQQPSQPLGCRFAMP

[0097]

[0098] (B) 인간 TIM3 이소형 2 (수탁 번호 AAH20843; 서열식별번호: 287; 이는 수탁 번호 BC020843.1; 서열식별번호: 289를 갖는 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩됨):

MFSHLPFDCVLLLLLLLLLSTRSSEVEYRAEVGNAYLPCFYTPAAPGNLVPVCWKGKACPVFECGNVVLRTD  
ERDVNYWTSRYWLNQDFRKGDVSLTIENVTLADSGIYCCRIQIPGIMNDEKFNKLVIKPGEWTFACHLYE

[0099]

[0100] 이소형 1 및 2의 신호 서열은 아미노산 1-21에 상응한다 (밑줄표시). 따라서, 성숙 이소형 1 및 2는 각각 아미노산 22 내지 301 또는 142로 이루어진다. 성숙 인간 TIM3의 세포외 도메인은 서열식별번호: 286의 아미노산 22-202로 이루어지고, 하기 아미노산 서열을 갖는다:

SEVEYRAEVGNAYLPCFYTPAAPGNLVPVCWKGKACPVFECGNVVLRTDERDVNYWTSRYWLNQDFRKG  
VSLTIENVTLADSGIYCCRIQIPGIMNDEKFNKLVIKPAKVTPAPTRQRDFTAAFPRLTTRGHGPAETQ  
TLGSLPDINLTQISTLANELRDSRLANDLRDSGATIRIG (SEQ ID NO: 290)

[0101]

[0102] 시노물구스 TIM3 단백질은 하기 아미노산 서열 (신호 서열을 포함함)로 이루어진다:

```
MFSLHPFDCVLLLLLLLLLTSSEVEYIAEVGQNAYLPCSYTPAPPGNLVPVCWGKGACPVFDCSNVVLRT
NRDVNDRTSGRYWLGKDFHKGDSVLTIENTVTLADSGVYCCRIQIPGIMNDEKHNKLKLVVIKPAKVTAPTL
QRDLTSAPRMLTTGEHGAETQTPGSLPDVNLTIQIFTLTNELRDSGATIRTAIYIAAGISAGLALALIFG
ALIFKWYSHSKEKTQNLISLISLANIPPSGLANAVAEGIRSEENIYTIIEEDVYEVEEPNEYCYVSSGQQPS
QPLGCRFAMP (SEQ ID NO: 360)
```

[0103]

[0104] 용어 "항체"는 일부 실시양태에서 디설피드 결합에 의해 서로 연결된 적어도 2개의 중쇄 (H) 및 2개의 경쇄 (L)를 포함하는 단백질을 지칭한다. 각각의 중쇄는 중쇄 가변 영역 (본원에서 VH로 약기됨) 및 중쇄 불변 영역 (본원에서 CH로 약기됨)으로 구성된다. 특정 항체, 예를 들어 자연 발생 IgG 항체에서, 중쇄 불변 영역은 힌지 및 3개의 도메인, CH1, CH2 및 CH3으로 구성된다. 특정 항체, 예를 들어 자연 발생 IgG 항체에서, 각각의 경쇄는 경쇄 가변 영역 (본원에서 VL로 약기됨) 및 경쇄 불변 영역으로 구성된다. 경쇄 불변 영역은 1개의 도메인 (본원에서 CL로 약기됨)으로 구성된다. VH 및 VL 영역은 프레임워크 영역 (FR)으로 불리는 보다 보존된 영역이 산재되어 있는 상보성 결정 영역 (CDR)으로 불리는 초가변성 영역으로 추가로 세분될 수 있다. 각각의 VH 및 VL은 아미노-말단으로부터 카르복시-말단으로 하기 순서로 배열된 3개의 CDR 및 4개의 FR로 구성된다: FR1, CDR1, FR2, CDR2, FR3, CDR3 및 FR4. 중쇄 및 경쇄의 가변 영역은 항원과 상호작용하는 결합 도메인을 함유한다. 항체의 불변 영역은 면역계의 다양한 세포 (예를 들어, 이펙터 세포) 및 전형적 보체계의 제1 성분 (C1q)을 포함한 숙주 조직 또는 인자에 대한 이뮤노글로불린의 결합을 매개할 수 있다. 중쇄는 C-말단 리신을 가질 수 있거나 또는 없다. 본원에 달리 명시되지 않는 한, 가변 영역 내의 아미노산은 카바트 넘버링 시스템을 사용하여 넘버링되고, 불변 영역 내의 것은 EU 시스템을 사용하여 넘버링된다.

[0105]

본원에 사용된 "IgG 항체", 예를 들어 인간 IgG1, IgG2, IgG3 및 IgG4 항체는, 일부 실시양태에서, 자연 발생 IgG 항체의 구조를 가지며, 즉 동일한 하위부류의 자연 발생 IgG 항체와 동일한 수의 중쇄 및 경쇄 및 디설피드 결합을 갖는다. 예를 들어, 항-TIM3 IgG1, IgG2, IgG3 또는 IgG4 항체는 2개의 중쇄 (HC) 및 2개의 경쇄 (LC)로 이루어지며, 여기서 2개의 HC 및 LC는 각각 자연 발생 IgG1, IgG2, IgG3 및 IgG4 항체에서 발생하는 디설피드 가교의 동일한 수 및 위치에 의해 연결된다 (항체가 돌연변이되어 디설피드 가교가 변형되지 않는 한).

[0106]

항체는 전형적으로  $10^{-5}$  내지  $10^{-11}$  M 또는 그 미만의 해리 상수 ( $K_D$ )에 의해 반영되는 고친화도로 그의 동족 항원에 특이적으로 결합한다. 약  $10^{-4}$  M 초과인 임의의  $K_D$ 는 일반적으로 비특이적 결합을 나타내는 것으로 간주된다. 본원에 사용된 항원에 "특이적으로 결합하는" 항체는, 항원 및 실질적으로 동일한 항원에  $10^{-7}$  M 이하,  $10^{-8}$  M 이하,  $5 \times 10^{-9}$  M 이하, 또는  $10^{-8}$  M 내지  $10^{-10}$  M 또는 그 미만의  $K_D$ 를 갖는 것을 의미하는 고친화도로 결합하지만 비관련 항원에는 고친화도로 결합하지 않는 항체를 지칭한다. 항원이 주어진 항원에 대해 고도의 서열 동일성을 나타내는 경우에, 예를 들어 주어진 항원의 서열에 대해 적어도 80%, 적어도 90%, 적어도 95%, 적어도 97% 또는 적어도 99% 서열 동일성을 나타내는 경우에, 항원은 주어진 항원에 대해 "실질적으로 동일"하다. 예로서, 인간 TIM3에 특이적으로 결합하는 항체는, 일부 실시양태에서, 또한 특정 영장류 종으로부터의 TIM3 항원 (예를 들어, 시노물구스 TIM3)과의 교차-반응성을 가질 수 있지만, 다른 종으로부터의 TIM3 항원 또는 TIM3 이외의 항원과는 교차-반응하지 않을 수 있다.

[0107]

이뮤노글로불린은 IgA, 분비형 IgA, IgG 및 IgM을 포함하나 이에 제한되지는 않는 통상적으로 공지된 임의의 이소형으로부터의 것일 수 있다. IgG 이소형은 특정 종에서 하위부류로 나누어진다: 인간에서 IgG1, IgG2, IgG3 및 IgG4, 및 마우스에서 IgG1, IgG2a, IgG2b 및 IgG3. 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 항-TIM3 항체는 IgG1 하위유형의 것이다. 이뮤노글로불린, 예를 들어 IgG1은 많아야 몇개의 아미노산이 서로 상이한 여러 동종 이형으로 존재한다. "항체"는 예로서, 자연 발생 및 비-자연 발생 항체 둘 다; 모노클로날 및 폴리클로날 항체; 키메라 및 인간화 항체; 인간 및 비인간 항체; 및 완전 합성 항체를 포함한다.

[0108]

본원에 사용된 용어 항체의 "항원-결합 부분"은 항원 (예를 들어, 인간 TIM3)에 특이적으로 결합하는 능력을 보유하는 항체의 1개 이상의 단편을 지칭한다. 항체의 항원-결합 기능은 전장 항체의 단편에 의해 수행될 수 있다는 것이 제시된 바 있다. 항체, 예를 들어 본원에 기재된 항-TIM3 항체의 용어 "항원-결합 부분" 내에 포괄되는 결합 단편의 예는 (i)  $V_L$ ,  $V_H$ , LC 및 CH1 도메인으로 이루어진 Fab 단편 (파파인 절단으로부터의 단편) 또는 유사한 1가 단편; (ii) 힌지 영역에서 디설피드 가교에 의해 연결된 2개의 Fab 단편을 포함하는 F(ab')<sub>2</sub> 단



편 (캡신 절단으로부터의 단편) 또는 유사한 2가 단편; (iii)  $V_H$  및 CH1 도메인으로 이루어진 Fd 단편; (iv) 항체의 단일 아암의  $V_L$  및  $V_H$  도메인으로 이루어진 Fv 단편; (v)  $V_H$  도메인으로 이루어진 dAb 단편 (Ward et al., (1989) Nature 341:544-546); (vi) 단리된 상보성 결정 영역 (CDR) 및 (vii) 합성 링커에 의해 임의로 연결될 수 있는 2개 이상의 단리된 CDR의 조합을 포함한다. 추가로, Fv 단편의 2개의 도메인인  $V_L$  및  $V_H$ 는 별개의 유전자에 의해 코딩되지만, 이들은  $V_L$  및  $V_H$  영역이 쌍을 이루어 1가 분자를 형성하는 단일 단백질 체 (단일 체 Fv (scFv)로 공지됨; 예를 들어, 문헌 [Bird et al. (1988) Science 242:423-426; 및 Huston et al. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:5879-5883] 참조)로 제조될 수 있게 하는 합성 링커에 의해 재조합 방법을 사용하여 연결될 수도 있다. 이러한 단일 체 항체도 또한 용어 항체의 "항원-결합 부분" 내에 포괄되는 것으로 의도된다. 이들 항체 단편은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 공지된 통상적인 기술을 사용하여 수득되고, 단편은 무손상 항체와 동일한 방식으로 유용성에 대해 스크리닝된다. 항원-결합 부분은 재조합 DNA 기술에 의해, 또는 무손상 이뮤노글로불린의 효소적 또는 화학적 절단에 의해 생산될 수 있다.

[0109] 본원에 사용된 용어 "모노클로날 항체"는 실질적으로 동종인 항체의 집단으로부터의 항체를 지칭하며, 즉 집단을 구성하는 개별 항체는 모노클로날 항체의 생산 동안 발생할 수 있는 가능한 변이체 (이러한 변이체는 일반적으로 소량으로 존재함)를 제외하고는, 실질적으로 유사하고 동일한 에피토프(들)에 결합한다 (예를 들어, 항체는 단일 결합 특이성 및 친화도를 나타냄). 수식어 "모노클로날"은 실질적으로 동종인 항체의 집단으로부터 수득됨에 따른 항체의 특징을 나타내고, 임의의 특정한 방법에 의한 항체의 생산이 요구되는 것으로 해석되어서는 안 된다. 용어 "인간 모노클로날 항체"는 단일 결합 특이성을 나타내고 인간 배선 이뮤노글로불린 서열로부터 유래된 가변 및 임의적인 불변 영역을 갖는 실질적으로 동종인 항체의 집단으로부터의 항체를 지칭한다. 일부 실시양태에서, 인간 모노클로날 항체는, 불멸화 세포에 융합된 인간 중쇄 트랜스젠 및 경쇄 트랜스진을 포함하는 게놈을 갖는 트랜스제닉 비-인간 동물, 예를 들어 트랜스제닉 마우스로부터 수득된 B 세포를 포함하는 하이브리도마에 의해 생산된다.

[0110] 본원에 사용된 용어 "재조합 인간 항체"는 재조합 수단에 의해 제조, 발현, 생성 또는 단리된 모든 인간 항체, 예컨대 (a) 인간 이뮤노글로불린 유전자에 대해 트랜스제닉 또는 트랜스크로모소말인 동물 (예를 들어, 마우스) 또는 그로부터 제조된 하이브리도마로부터 단리된 항체, (b) 항체를 발현하도록 형질전환된 숙주 세포, 예를 들어 트랜스펙토마로부터 단리된 항체, (c) 재조합, 조합 인간 항체 라이브러리로부터 단리된 항체, 및 (d) 인간 이뮤노글로불린 유전자 서열을 다른 DNA 서열로 스플라이싱하는 것을 수반하는 임의의 다른 수단에 의해 제조, 발현, 생성 또는 단리된 항체를 포함한다. 이러한 재조합 인간 항체는, 배선 유전자에 의해 코딩되지만, 예를 들어 항체 성숙 동안 발생하는 후속 재배열 및 돌연변이를 포함하는 특정한 인간 배선 이뮤노글로불린 서열을 이용하는 가변 및 불변 영역을 포함한다. 관련 기술분야에 공지된 바와 같이 (예를 들어, 문헌 [Lonberg (2005) Nature Biotech. 23(9): 1117- 1125] 참조), 가변 영역은 외래 항원에 특이적인 항체를 형성하기 위해 재배열되는 다양한 유전자에 의해 코딩되는 항원 결합 도메인을 함유한다. 재배열 이외에도, 가변 영역은 외래 항원에 대한 항체의 친화도를 증가시키기 위해 다중 단일 아미노산 변화 (체세포 돌연변이 또는 과다돌연변이로 지칭됨)에 의해 추가로 변형될 수 있다. 불변 영역은 항원에 대해 추가로 반응하여 변화할 것이다 (즉, 이소형 스위치). 따라서, 항원에 반응하여 경쇄 및 중쇄 이뮤노글로불린 폴리펩티드를 코딩하는, 재배열되고 체세포 돌연변이된 핵산 분자는, 원래의 핵산 분자와 서열 동일성을 갖지 않을 수 있지만, 그 대신 실질적으로 동일하거나 유사할 것이다 (즉, 적어도 80% 동일성을 가짐).

[0111] "인간" 항체 (HuMAb)는 프레임워크 및 CDR 영역 둘 다가 인간 배선 이뮤노글로불린 서열로부터 유래된 가변 영역을 갖는 항체를 지칭한다. 추가로, 항체가 불변 영역을 함유하는 경우에, 불변 영역은 또한 인간 배선 이뮤노글로불린 서열로부터 유래된다. 본원에 기재된 항-TIM3 항체는 인간 배선 이뮤노글로불린 서열에 의해 코딩되지 않는 아미노산 잔기 (예를 들어, 시험관내 무작위 또는 부위-특이적 돌연변이 유발에 의해 또는 생체내 체세포 돌연변이에 의해 도입된 돌연변이)를 포함할 수 있다. 그러나, 본원에 사용된 용어 "인간 항체"는 또 다른 포유동물 종, 예컨대 마우스의 배선으로부터 유래된 CDR 서열이 인간 프레임워크 서열 상에 그래프팅된 항체를 포함하는 것으로 의도되지 않는다. 용어 "인간" 항체 및 "완전 인간" 항체는 동의어로 사용된다.

[0112] "인간화" 항체는 비-인간 항체의 CDR 도메인 외부의 아미노산 중 일부, 대부분 또는 모두가 인간 이뮤노글로불린으로부터 유래된 상응하는 아미노산으로 대체된 항체를 지칭한다. 인간화 형태의 항체의 일부 실시양태에서, CDR 도메인 외부의 아미노산 중 일부, 대부분 또는 모두는 인간 이뮤노글로불린으로부터의 아미노산으로 대체된 반면에, 1개 이상의 CDR 영역 내의 일부, 대부분 또는 모든 아미노산은 변화되지 않는다. 아미노산의 작은 부가, 결실, 삽입, 치환 또는 변형은, 이들이 특정한 항원에 결합하는 항체의 능력을 제거하지 않는 한, 허용가능

하다. "인간화" 항체는 원래 항체의 것과 유사한 항원 특이성을 보유한다.

- [0113] "키메라 항체"는, 가변 영역은 한 종으로부터 유래되고, 불변 영역은 또 다른 종으로부터 유래된 항체, 예컨대 가변 영역은 마우스 항체로부터 유래되고, 불변 영역은 인간 항체로부터 유래된 항체를 지칭한다.
- [0114] 본원에 사용된 "이소형"은 중쇄 불변 영역 유전자에 의해 코딩되는 항체 부류 (예를 들어, IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgM, IgA1, IgA2, IgD 및 IgE 항체)를 지칭한다.
- [0115] "동종이형"은 소수의 아미노산이 상이한, 특정 이소형 군 내의 자연 발생 변이체를 지칭한다 (예를 들어, 문헌 [Jefferis et al. (2009) mAbs 1:1] 참조). 본원에 기재된 항-TIM3 항체는 임의의 동종이형의 항체일 수 있다. 본원에 사용된 바와 같은, "IgG1f", "IgG1.1f", 또는 "IgG1.3f" 이소형으로 지칭되는 항체는 각각 동종이형 "f"의, 즉 예를 들어 서열식별번호: 3에 제시된 바와 같이 카바트테서와 같은 EU 인덱스에 따라 214R, 356E 및 358M을 갖는, IgG1, 무이펙터 IgG1.1 항체, 및 무이펙터 IgG1.3 항체이다.
- [0116] 어구 "항원을 인식하는 항체" 및 "항원에 특이적인 항체"는 본원에서 용어 "항원에 특이적으로 결합하는 항체"와 상호교환가능하게 사용된다.
- [0117] "단리된 항체"는 상이한 항원 특이성을 갖는 다른 항체가 실질적으로 없는 항체를 지칭한다 (예를 들어, TIM3에 특이적으로 결합하는 단리된 항체는 TIM3 이외의 항원에 특이적으로 결합하는 항체가 실질적으로 없음). 그러나, TIM3에 특이적으로 결합하는 단리된 항체는 다른 항원, 예컨대 상이한 종으로부터의 TIM3 분자와 교차-반응성을 가질 수 있다. 더욱이, 단리된 항체는 다른 단백질 및/또는 세포 물질이 실질적으로 없을 수 있다. 일부 실시양태에서, 항체는 또 다른 작용제 (예를 들어, 소분자 약물)에 부착된 접합체를 포함한다.
- [0118] 본원에 사용된 "TIM3-L의 TIM3에 대한 결합을 억제하는" 항체는 관련 기술분야-인식된 방법, 예를 들어 본원에 기재된 FACS-기반 결합 검정에서, 예를 들어 인간 TIM3에 의해 형질감염된 CHO 세포 또는 TIM3을 발현하는 활성화된 T 세포를 사용하는 결합 검정에서, 약 1  $\mu\text{g/mL}$  이하, 예컨대 약 0.9  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.85  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.8  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.75  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.7  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.65  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.6  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.55  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.5  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.45  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.4  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.35  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.3  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.25  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.2  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.15  $\mu\text{g/mL}$  이하, 약 0.1  $\mu\text{g/mL}$  이하, 또는 약 0.05  $\mu\text{g/mL}$  이하의  $\text{EC}_{50}$ 으로 TIM3의 그의 리간드, 예를 들어 포스파티딜세린에 대한 결합을 억제하는 항체를 지칭하는 것으로 의도된다.
- [0119] "이펙터 기능"은 항체 Fc 영역과 Fc 수용체 또는 리간드의 상호작용, 또는 그로부터 유발되는 생화학적 사건을 지칭한다. 예시적인 "이펙터 기능"은 C1q 결합, 보체 의존성 세포독성 (CDC), Fc 수용체 결합, Fc $\gamma$ R-매개 이펙터 기능, 예컨대 ADCC 및 항체 의존성 세포-매개 식세포작용 (ADCP), 및 세포 표면 수용체 (예를 들어, B 세포 수용체; BCR)의 하향조절을 포함한다. 이러한 이펙터 기능은 일반적으로 Fc 영역이 결합 도메인 (예를 들어, 항체 가변 도메인)과 조합될 것을 요구한다.
- [0120] "Fc 수용체" 또는 "FcR"은 이뮤노글로불린의 Fc 영역에 결합하는 수용체이다. IgG 항체에 결합하는 FcR은 이들 수용체의 대립유전자 변이체 및 대안적으로 스플라이싱된 형태를 포함한, Fc $\gamma$ R 패밀리의 수용체를 포함한다. Fc $\gamma$ R 패밀리는 3종의 활성화 (마우스에서 Fc $\gamma$ RI, Fc $\gamma$ RIII 및 Fc $\gamma$ RIV; 인간에서 Fc $\gamma$ RIA, Fc $\gamma$ RIIA 및 Fc $\gamma$ RIIIA) 및 1종의 억제 (Fc $\gamma$ RIIB) 수용체로 이루어진다. 인간 Fc $\gamma$ R의 다양한 특성은 관련 기술분야에 공지되어 있다. 대다수의 선천성 이펙터 세포 유형은 1종 이상의 활성화 Fc $\gamma$ R 및 억제 Fc $\gamma$ RIIB를 공발현하고, 반면에 자연 킬러 (NK) 세포는 1종의 활성화 Fc 수용체 (마우스에서 Fc $\gamma$ RIII 및 인간에서 Fc $\gamma$ RIIIA)를 선택적으로 발현하지만 마우스 및 인간에서 억제 Fc $\gamma$ RIIB는 발현하지 않는다. 인간 IgG1은 대부분의 인간 Fc 수용체에 결합하고, 그것이 결합하는 활성화 Fc 수용체의 유형과 관련하여 무린 IgG2a와 동등한 것으로 간주된다.
- [0121] "Fc 영역" (단편 결정화가능 영역) 또는 "Fc 도메인" 또는 "Fc"는, 면역계의 다양한 세포 (예를 들어, 이펙터 세포) 상에 위치하는 Fc 수용체 또는 전형적 보체계의 제1 성분 (C1q)에 대한 결합을 포함한, 숙주 조직 또는 인자에 대한 이뮤노글로불린의 결합을 매개하는 항체의 중쇄의 C-말단 영역을 지칭한다. 따라서, Fc 영역은 제1 불변 영역 이뮤노글로불린 도메인 (예를 들어, CH1 또는 CL)을 제외한 항체의 불변 영역을 포함한다. IgG, IgA 및 IgD 항체 이소형에서, Fc 영역은 항체의 2개의 중쇄의 제2 (CH2) 및 제3 (CH3) 불변 도메인으로부터 유래된, 2개의 동일한 단백질 단편을 포함하고; IgM 및 IgE Fc 영역은 각각의 폴리펩티드 쇄에 3개의 중쇄 불변 도메인 (CH 도메인 2-4)을 포함한다. IgG의 경우, Fc 영역은 이뮤노글로불린 도메인 CH2 및 CH3 및 CH1과 CH2 도메인 사이의 힌지를 포함한다. 이뮤노글로불린 중쇄의 Fc 영역의 경계의 정의가 본원에 정의된 바와 같이 달라질 수 있지만, 인간 IgG 중쇄 Fc 영역은 IgG1의 경우 아미노산 잔기 D221, IgG2의 경우 V222, IgG3의 경우

L221 및 IgG4의 경우 P224로부터 중쇄의 카르복시-말단까지의 스트레치로 정의되며, 여기서 넘버링은 카바트에 서와 같은 EU 인덱스에 따른다. 인간 IgG Fc 영역의 CH2 도메인은 아미노산 237으로부터 아미노산 340까지에 이르고, CH3 도메인은 Fc 영역에서 CH2 도메인의 C-말단에 위치하며, 즉 그것은 IgG의 아미노산 341로부터 아미노산 447 또는 446 (C-말단 리신 잔기가 부재하는 경우) 또는 445 (C-말단 글리신 및 리신 잔기가 부재하는 경우)까지에 이른다. 본원에 사용된 Fc 영역은 임의의 동종이형 변이체를 포함한 천연 서열 Fc, 또는 변이체 Fc (예를 들어, 비-자연 발생 Fc)일 수 있다. Fc는 또한 단리 상태의 또는 Fc-포함 단백질 폴리펩티드, 예컨대 "Fc 융합 단백질" (예를 들어, 항체 또는 면역oadhesin)로도 지칭되는 "Fc 영역을 포함하는 결합 단백질"의 맥락에서 이러한 영역을 지칭할 수 있다.

[0122] "천연 서열 Fc 영역" 또는 "천연 서열 Fc"는 자연에서 발견되는 Fc 영역의 아미노산 서열과 동일한 아미노산 서열을 포함한다. 천연 서열 인간 Fc 영역은 천연 서열 인간 IgG1 Fc 영역; 천연 서열 인간 IgG2 Fc 영역; 천연 서열 인간 IgG3 Fc 영역; 및 천연 서열 인간 IgG4 Fc 영역, 뿐만 아니라 그의 자연 발생 변이체를 포함한다. 천연 서열 Fc는 Fc의 다양한 동종이형을 포함한다 (예를 들어, 문헌 [Jefferis et al. (2009) mAbs 1: 1] 참조).

[0123] 용어 "에피토프" 또는 "항원 결정기"는, 예를 들어 이를 확인하는데 사용된 구체적 방법에 의해 정의된 바와 같이, 이뮤노글로불린 또는 항체가 특이적으로 결합하는 항원 (예를 들어, TIM3) 상의 부위를 지칭한다. 에피토프는 인접 아미노산 (통상적으로 선형 에피토프) 또는 단백질의 3차 폴딩에 의해 병치되는 비인접 아미노산 (통상적으로 입체형태적 에피토프) 둘 다로부터 형성될 수 있다. 인접 아미노산으로부터 형성된 에피토프는 항상 그러한 것은 아니지만 전형적으로 변성 용매에의 노출 시 유지되고, 반면에 3차 폴딩에 의해 형성된 에피토프는 전형적으로 변성 용매에 의한 처리 시 상실된다. 에피토프는 고유한 공간 입체형태에 전형적으로 적어도 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 또는 15개의 아미노산을 포함한다. 어떠한 에피토프가 주어진 항체에 의해 결합되는지 결정하는 방법 (즉, 에피토프 맵핑)은 관련 기술분야에 널리 공지되어 있고, 예를 들어 이뮤노블롯팅 및 면역침전 검정을 포함하며, 여기서 중첩 또는 인접 펩티드 (예를 들어, TIM3으로부터)는 주어진 항체 (예를 들어, 항-TIM3 항체)와의 반응성에 대해 시험된다. 에피토프의 공간 입체형태를 결정하는 방법은 관련 기술분야의 기술 및 본원에 기재된 기술, 예를 들어 X선 결정학, 항원 돌연변이 분석, 2-차원 핵 자기 공명 및 HDX-MS를 포함한다 (예를 들어, 문헌 [Epitope Mapping Protocols in Methods in Molecular Biology, Vol. 66, G. E. Morris, Ed. (1996)] 참조).

[0124] 용어 "에피토프 맵핑"은 항체-항원 인식을 위한 분자 결정기의 확인 과정을 지칭한다.

[0125] 2종 이상의 항체와 관련하여 용어 "동일한 에피토프에 결합하다"는 항체가 주어진 방법에 의해 결정 시 동일한 아미노산 잔기의 절편에 결합한다는 것을 의미한다. 항체가 본원에 기재된 항체와 "TIM3 상의 동일한 에피토프"에 결합하는지 여부를 결정하는 기술은, 예를 들어 에피토프 맵핑 방법, 예컨대 에피토프의 원자 해상도를 제공하는 항원:항체 복합체의 결정의 X선 분석, 및 수소/중수소 교환 질량 분광측정법 (HDX-MS)을 포함한다. 다른 방법은 항원 단편 또는 항원의 돌연변이된 변이에 대한 항체의 결합을 모니터링하는 것이며, 여기서 항원 서열 내의 아미노산 잔기의 변형으로 인한 결합의 상실은 종종 에피토프 성분의 지표로 간주된다. 추가로, 에피토프 맵핑에 대한 컴퓨터 조합 방법이 또한 사용될 수 있다. 이들 방법은 관심 항체가 조합 파지 디스플레이 펩티드 라이브러리로부터 특이적인 짧은 펩티드를 친화성 단리하는 능력에 의존한다. 동일한 VH 및 VL 또는 동일한 CDR1, 2 및 3 서열을 갖는 항체는 동일한 에피토프에 결합할 것으로 예상된다.

[0126] "표적에의 결합에 대해 또 다른 항체와 경쟁하는" 항체는 다른 항체의 표적에 대한 결합을 (부분적으로 또는 완전히) 억제하는 항체를 지칭한다. 2종의 항체가 표적에의 결합에 대해 서로 경쟁하는지 여부, 즉 하나의 항체가 다른 항체의 표적에 대한 결합을 억제하는지 여부 및 그 정도는 공지된 경쟁 실험, 예를 들어 비아코어 (BIACORE)® 표면 플라즈몬 공명 (SPR) 분석을 사용하여 결정될 수 있다. 일부 실시양태에서, 항체는 또 다른 항체의 표적에 대한 결합을 적어도 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 또는 100% 억제하고, 그와 경쟁한다. 억제 또는 경쟁의 수준은 항체가 "차단 항체" (즉, 먼저 표적과 인큐베이션되는 콜드 항체)인지에 따라 상이할 수 있다. 경쟁 검정은, 예를 들어 문헌 [Ed Harlow and David Lane, Cold Spring Harb Protoc; 2006; doi: 10.1101/pdb.prot4277 또는 Chapter 11 of "Using Antibodies" by Ed Harlow and David Lane, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA 1999]에 기재된 바와 같이 수행될 수 있다. 2종의 항체는 항체가 서로를 둘 다의 방식으로 적어도 50% 차단하는 경우에, 즉 하나 또는 다른 항체가 경쟁 실험에서 먼저 항원과 접촉되는지 여부에 상관없이 "교차-경쟁한다".

[0127] 2종의 항체가 결합에 대해 경쟁 또는 교차-경쟁하는지 여부를 결정하기 위한 경쟁적 결합 검정은 하기를 포함한

다: 예를 들어 실시예에 기재된 것과 같은 유동 세포측정법에 의한, TIM3을 발현하는 T 세포에의 결합에 대한 경쟁. 다른 방법은 하기를 포함한다: SPR (예를 들어, 비아코어®), 고체상 직접 또는 간접 방사선면역검정 (RIA), 고체상 직접 또는 간접 효소 면역검정 (EIA), 샌드위치 경쟁 검정 (문헌 [Stahli et al., Methods in Enzymology 9:242 (1983)] 참조); 고체상 직접 비오틴-아비딘 EIA (문헌 [Kirkland et al., J. Immunol. 137:3614 (1986)] 참조); 고체상 직접 표지된 검정, 고체상 직접 표지된 샌드위치 검정 (문헌 [Harlow and Lane, Antibodies: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Press (1988)] 참조); I-125 표지를 사용하는 고체상 직접 표지 RIA (문헌 [Morel et al., Mol. Immunol. 25(1):7 (1988)] 참조); 고체상 직접 비오틴-아비딘 EIA (문헌 [Cheung et al., Virology 176:546 (1990)]); 및 직접 표지된 RIA (문헌 [Moldenhauer et al., Scand. J. Immunol. 32:77 (1990)]).

[0128] 본원에 사용된 용어 "특이적 결합", "선택적 결합", "선택적으로 결합하다" 및 "특이적으로 결합하다"는 미리 결정된 항원 상의 에피토프에 대한 항체 결합을 지칭한다. 전형적으로, 항체는 (i) 예를 들어 미리 결정된 항원, 예를 들어 재조합 인간 TIM3을 분석물로서 사용하고 항체를 리간드로서 사용하는 비아코어® 2000 기기에서의 표면 플라즈몬 공명 (SPR) 기술, 또는 항원 양성 세포에 대한 항체의 결합의 스캐차드 분석에 의해 결정하였을 때, 대략  $10^{-7}$  M 미만, 예컨대 대략  $10^{-8}$  M,  $10^{-9}$  M 또는  $10^{-10}$  M 미만 또는 훨씬 더 미만의 평형 해리 상수 ( $K_D$ )로 결합하고, (ii) 미리 결정된 항원 또는 밀접하게-관련된 항원 이외의 비-특이적 항원 (예를 들어, BSA, 카세인)에의 결합에 대한 그의 친화도보다 적어도 2배 더 큰 친화도로 미리 결정된 항원에 결합한다. 따라서, "인간 TIM3에 특이적으로 결합하는" 항체는 가용성 또는 세포 결합된 인간 TIM3에  $10^{-7}$  M 이하, 예컨대 대략  $10^{-8}$  M,  $10^{-9}$  M 또는  $10^{-10}$  M 미만 또는 훨씬 더 미만의  $K_D$ 로 결합하는 항체를 지칭한다. "시노물구스 TIM3과 교차-반응하는" 항체는  $10^{-7}$  M 이하, 예컨대 대략  $10^{-8}$  M,  $10^{-9}$  M 또는  $10^{-10}$  M 미만 또는 훨씬 더 미만의  $K_D$ 로 시노물구스 TIM3에 결합하는 항체를 지칭한다. 일부 실시양태에서, 비-인간 종으로부터의 TIM3과 교차-반응하지 않는 이러한 항체는 표준 결합 검정에서 이들 단백질에 대해 본질적으로 검출가능하지 않은 결합을 나타낸다.

[0129] 본원에 사용된 용어 " $k_{assoc}$ " 또는 " $k_a$ "는 특정한 항체-항원 상호작용의 회합률을 지칭하는 것으로 의도되고, 반면에 본원에 사용된 용어 " $k_{dis}$ " 또는 " $k_d$ "는 특정한 항체-항원 상호작용의 해리율을 지칭하는 것으로 의도된다. 본원에 사용된 용어 " $K_D$ "는  $k_d$  대  $k_a$ 의 비 (즉,  $k_d/k_a$ )로부터 수득되는 해리 상수를 지칭하는 것으로 의도되고, 몰 농도 (M)로 표현된다. 항체에 대한  $K_D$  값은 관련 기술분야에 널리 확립된 방법을 사용하여 결정될 수 있다. 항체의  $K_D$ 를 결정하기 위한 이용가능한 방법은 표면 플라즈몬 공명, 바이오센서 시스템, 예컨대 비아코어® 시스템 또는 유동 세포측정법 및 스캐차드 분석을 포함한다.

[0130] 본원에 사용된, IgG 항체에 대한 용어 "고친화도"는 표적 항원에 대한  $10^{-8}$  M 이하,  $10^{-9}$  M 이하, 또는  $10^{-10}$  M 이하의  $K_D$ 를 갖는 항체를 지칭한다. 그러나, "고친화도" 결합은 다른 항체 이소형에 대해 달라질 수 있다. 예를 들어, IgM 이소형에 대한 "고친화도" 결합은  $10^{-10}$  M 이하, 또는  $10^{-8}$  M 이하의  $K_D$ 를 갖는 항체를 지칭한다.

[0131] 항체 또는 그의 항원 결합 단편을 사용하는 시험관내 또는 생체내 검정과 관련하여 용어 " $EC_{50}$ "은 최대 반응의 50%, 즉 최대 반응과 기준선 사이의 중간인 반응을 유도하는 항체 또는 그의 항원-결합 부분의 농도를 지칭한다.

[0132] 대상에 적용될 때의 본원에 사용된 용어 "자연 발생"은 대상이 자연에서 발견될 수 있다는 사실을 지칭한다. 예를 들어, 자연에서 공급원으로부터 단리될 수 있고 실험실에서 인간에 의해 의도적으로 변형되지 않은 유기체 (바이러스 포함)에 존재하는 폴리펩티드 또는 폴리뉴클레오티드 서열은 자연 발생이다.

[0133] "폴리펩티드"는쇄의 길이에 대한 상한치 없이, 적어도 2개의 연속적으로 연결된 아미노산 잔기를 포함하는 쇠를 지칭한다. 단백질 내의 1개 이상의 아미노산 잔기는 변형, 예컨대, 비제한적으로, 글리코실화, 인산화 또는 디설피드 결합 형성을 함유할 수 있다. "단백질"은 1개 이상의 폴리펩티드를 포함할 수 있다.

[0134] 본원에 사용된 용어 "핵산 분자"는 DNA 분자 및 RNA 분자를 포함하는 것으로 의도된다. 핵산 분자는 단일-가닥 또는 이중-가닥일 수 있고, cDNA일 수 있다.

[0135] "보존적 아미노산 치환"은 아미노산 잔기를 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기로 치환시키는 것을 지칭한다.



유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기의 패밀리는 관련 기술분야에서 정의되었다. 이들 패밀리는 염기성 측쇄 (예를 들어, 리신, 아르기닌, 히스티딘), 산성 측쇄 (예를 들어, 아스파르트산, 글루탐산), 비하전된 극성 측쇄 (예를 들어, 글리신, 아스파라긴, 글루타민, 세린, 트레오닌, 티로신, 시스테인, 트립토판), 비극성 측쇄 (예를 들어, 알라닌, 발린, 류신, 이소류신, 프롤린, 페닐알라닌, 메티오닌), 베타-분지형 측쇄 (예를 들어, 트레오닌, 발린, 이소류신) 및 방향족 측쇄 (예를 들어, 티로신, 페닐알라닌, 트립토판, 히스티딘)를 갖는 아미노산을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체에서의 예측되는 비필수 아미노산 잔기는 동일한 측쇄 패밀리로부터의 또 다른 아미노산 잔기로 대체된다. 항원 결합을 제거하지 않는 뉴클레오타이드 및 아미노산 보존적 치환을 확인하는 방법은 관련 기술분야에 널리 공지되어 있다 (예를 들어, 문헌 [Brummell et al., Biochem. 32: 1180-1187 (1993); Kobayashi et al. Protein Eng. 12(10):879-884 (1999); 및 Burks et al. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94:412-417 (1997)] 참조).

- [0136] 핵산의 경우에, 용어 "실질적 상동성"은 2개의 핵산 또는 그의 지정된 서열이 최적으로 정렬되고 비교된 경우에, 적절한 뉴클레오타이드 삽입 또는 결실에 의해 적어도 약 80%의 뉴클레오타이드, 적어도 약 90% 내지 95%, 또는 적어도 약 98% 내지 99.5%의 뉴클레오타이드에서 동일한 것을 나타낸다. 대안적으로, 실질적 상동성은 절편이 선택적 혼성화 조건 하에 가닥의 상보체에 혼성화될 경우에 존재한다.
- [0137] 폴리펩티드의 경우, 용어 "실질적 상동성"은 2개의 폴리펩티드 또는 그의 지정된 서열이 최적으로 정렬되고 비교된 경우에, 적절한 아미노산 삽입 또는 결실에 의해 적어도 약 80%의 아미노산, 적어도 약 90% 내지 95%, 또는 적어도 약 98% 내지 99.5%의 아미노산에서 동일한 것을 나타낸다.
- [0138] 2개의 서열 사이의 퍼센트 동일성은 2개의 서열의 최적 정렬을 위해 도입될 필요가 있는 갭의 수 및 각각의 갭의 길이를 고려한, 서열에 의해 공유되는 동일한 위치의 수의 함수이다 (즉, % 상동성 = 동일한 위치의 #/위치의 총 # x 100). 2개의 서열 사이의 서열 비교 및 퍼센트 동일성의 결정은 하기 비제한적 예에 기재된 바와 같이 수학적 알고리즘을 사용하여 달성될 수 있다.
- [0139] 2개의 뉴클레오타이드 서열 사이의 퍼센트 동일성은 NWSgapdna.CMP 매트릭스 및 40, 50, 60, 70 또는 80의 갭 가중치 및 1, 2, 3, 4, 5 또는 6의 길이 가중치를 사용하는 GCG 소프트웨어 패키지 내의 GAP 프로그램 (worldwideweb.gcg.com에서 이용가능)을 사용하여 결정될 수 있다. PAM120 가중치 잔기 표, 갭 길이 페널티 12 및 갭 페널티 4를 사용하는 ALIGN 프로그램 (버전 2.0) 내로 혼입된 문헌 [E. Meyers and W. Miller (CABIOS, 4: 11-17 (1989))]의 알고리즘을 사용하여 2개의 뉴클레오타이드 또는 아미노산 서열 사이의 퍼센트 동일성이 또한 결정될 수 있다. 또한, 2개의 아미노산 서열 사이의 퍼센트 동일성은 블로섬(Blossum) 62 매트릭스 또는 PAM250 매트릭스 및 갭 가중치 16, 14, 12, 10, 8, 6 또는 4 및 길이 가중치 1, 2, 3, 4, 5 또는 6을 사용하는 GCG 소프트웨어 패키지 내의 GAP 프로그램 (http://www.gcg.com에서 이용가능) 내로 혼입된 문헌 [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. (48):444-453 (1970))]의 알고리즘을 사용하여 결정될 수 있다.
- [0140] 본원에 기재된 핵산 및 단백질 서열은 추가로, 예를 들어 관련 서열을 확인하기 위해 공중 데이터베이스에 대한 검색을 수행하기 위한 "질의 서열"로서 사용될 수 있다. 이러한 검색은 문헌 [Altschul, et al. (1990) J. Mol. Biol. 215:403-10]의 NBLAST 및 XBLAST 프로그램 (버전 2.0)을 사용하여 수행될 수 있다. NBLAST 프로그램, 점수 = 100, 워드 길이 = 12로 BLAST 뉴클레오타이드 검색을 수행하여 본원에 기재된 핵산 분자에 상동인 뉴클레오타이드 서열을 수득할 수 있다. XBLAST 프로그램, 점수 = 50, 워드 길이 = 3으로 BLAST 단백질 검색을 수행하여 본원에 기재된 단백질 분자에 상동인 아미노산 서열을 수득할 수 있다. 비교 목적으로 갭이 있는 정렬을 수득하기 위해, 갭드 BLAST를 문헌 [Altschul et al., (1997) Nucleic Acids Res. 25(17):3389-3402]에 기재된 바와 같이 이용할 수 있다. BLAST 및 갭드 BLAST 프로그램을 이용하는 경우에, 각각의 프로그램 (예를 들어, XBLAST 및 NBLAST)의 디폴트 파라미터가 사용될 수 있다. [worldwideweb.ncbi.nlm.nih.gov]를 참조한다.
- [0141] 핵산은 전세포에, 세포 용해물에, 또는 부분적으로 정제되거나 실질적으로 순수한 형태로 존재할 수 있다. 핵산은 다른 세포 성분 또는 다른 오염물, 예를 들어 다른 세포 핵산 (예를 들어, 염색체의 다른 부분) 또는 단백질로부터, 알칼리/SDS 처리, CsCl 밴딩, 칼럼 크로마토그래피, 아가로스 겔 전기영동 및 관련 기술분야에 널리 공지된 다른 것들을 포함한 표준 기술에 의해 정제되었을 때 "단리되거나" 또는 "실질적으로 순수해진다". 문헌 [F. Ausubel, et al., ed. Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing and Wiley Interscience, New York (1987)]을 참조한다.
- [0142] 핵산, 예를 들어 cDNA는 유전자 서열을 제공하는 표준 기술에 따라 돌연변이될 수 있다. 코딩 서열의 경우, 이들 돌연변이는 목적하는 바와 같이 아미노산 서열에 영향을 미칠 수 있다. 특히, 천연 V, D, J, 불변, 스위치 및 본원에 기재된 다른 이러한 서열에 실질적으로 상동이거나 또는 그로부터 유래된 DNA 서열이 고려된다 (여기

서 "유래된"은 서열이 또 다른 서열과 동일하거나 또는 이로부터 변형된 것임을 나타냄).

- [0143] 본원에 사용된 용어 "백터"는 그것이 연결된 또 다른 핵산을 수송할 수 있는 핵산 분자를 지칭하는 것으로 의도된다. 백터의 한 유형은 "플라스미드"이며, 이는 추가의 DNA 절편이 라이게이션될 수 있는 환형의 이중 가닥 DNA 루프를 지칭한다. 또 다른 유형의 백터는 바이러스 백터이며, 여기서 추가의 DNA 절편은 바이러스 게놈 내로 라이게이션될 수 있다. 특정 백터는 그것이 도입되는 숙주 세포에서 자율 복제될 수 있다 (예를 들어, 박테리아 복제 기점을 갖는 박테리아 백터 및 에피솜 포유동물 백터). 다른 백터 (예를 들어, 비-에피솜 포유동물 백터)는 숙주 세포 내로의 도입 시 숙주 세포의 게놈 내로 통합될 수 있고, 이에 의해 숙주 게놈과 함께 복제된다. 더욱이, 특정 백터는 작동가능하게 연결된 유전자의 발현을 지시할 수 있다. 이러한 백터는 본원에서 "제조합 발현 백터" (또는 간단히 "발현 백터")로 지칭된다. 일반적으로, 제조합 DNA 기술에서 유용성을 갖는 발현 백터는 종종 플라스미드 형태이다. 본 명세서에서, 플라스미드가 가장 통상적으로 사용되는 형태의 백터이므로, "플라스미드" 및 "백터"는 상호교환가능하게 사용될 수 있다. 그러나, 동등한 기능을 수행하는 다른 형태의 발현 백터, 예컨대 바이러스 백터 (예를 들어, 복제 결함 레트로바이러스, 아데노바이러스 및 아데노-연관 바이러스)가 또한 포함된다.
- [0144] 본원에 사용된 용어 "제조합 숙주 세포" (또는 간단히 "숙주 세포")는 세포에 자연적으로 존재하지 않는 핵산을 포함하는 세포를 지칭하는 것으로 의도되고, 이는 제조합 발현 백터가 도입된 세포일 수 있다. 이러한 용어는 특정한 대상 세포, 뿐만 아니라 이러한 세포의 자손까지 지칭하는 것으로 의도된다는 것이 이해되어야 한다. 돌연변이 또는 환경적 영향으로 인해 후속 세대에서 특정 변형이 발생할 수 있기 때문에, 이러한 자손은 실제로는 모 세포와 동일하지 않을 수 있지만, 여전히 본원에 사용된 용어 "숙주 세포"의 범주 내에 포함된다.
- [0145] "면역 반응"은 관련 기술분야에서 이해되는 바와 같고, 일반적으로 외래 작용제 또는 비정상적, 예를 들어 암성 세포에 대한 척추동물 내에서의 생물학적 반응을 지칭하며, 이 반응은 이들 작용제 및 그에 의해 유발되는 질환에 대해 유기체를 보호한다. 면역 반응은 침입 병원체, 병원체로 감염된 세포 또는 조직, 암성 또는 다른 비정상 세포, 또는 자가면역 또는 병리학적 염증의 경우에는 정상 인간 세포 또는 조직의 선택적 표적화, 그에 대한 결함, 그에 대한 손상, 그의 파괴, 및/또는 그의 척추동물 신체로부터의 제거를 발생시키는, 면역계 세포의 1종 이상의 세포 (예를 들어, T 림프구, B 림프구, 자연 킬러 (NK) 세포, 대식세포, 호산구, 비만 세포, 수지상 세포 또는 호중구) 및 이들 세포 중 임의의 것 또는 간에 의해 생산된 가용성 거대분자 (항체, 시토카인 및 보체 포함)의 작용에 의해 매개된다. 면역 반응은, 예를 들어 T 세포, 예를 들어 이펙터 T 세포, Th 세포, CD4<sup>+</sup> 세포, CD8<sup>+</sup> T 세포 또는 Treg 세포의 활성화 또는 억제, 또는 면역계의 임의의 다른 세포, 예를 들어 NK 세포의 활성화 또는 억제를 포함한다.
- [0146] "면역조정제" 또는 "면역조절제"는 작용제, 예를 들어 면역 반응의 조정, 조절 또는 변형에 수반될 수 있는 신호전달 경로의 성분을 표적화하는 작용제를 지칭한다. 면역 반응의 "조정", "조절" 또는 "변형"은 면역계 세포에서의 또는 이러한 세포 (예를 들어, 이펙터 T 세포, 예컨대 Th1 세포)의 활성화에서의 임의의 변경을 지칭한다. 이러한 조정은 다양한 세포 유형의 수의 증가 또는 감소, 이들 세포의 활성의 증가 또는 감소, 또는 면역계 내에서 발생할 수 있는 임의의 다른 변화에 의해 나타날 수 있는 면역계의 자극 또는 억제를 포함한다. 억제 및 자극 면역조정제 둘 다가 확인되었고, 이들 중 일부는 중앙 미세환경에서 증진된 기능을 가질 수 있다. 일부 실시양태에서, 면역조정제는 T 세포의 표면 상의 분자를 표적화한다. "면역조정 표적" 또는 "면역조절 표적"은 물질, 작용제, 모이어티, 화합물 또는 분자에 의한 결합에 대해 표적화되고, 그러한 결합에 의해 활성이 변경되는 분자, 예를 들어 세포 표면 분자이다. 면역조정 표적은, 예를 들어 세포 표면 상의 수용체 ("면역조정 수용체") 및 수용체 리간드 ("면역조정 리간드")를 포함한다.
- [0147] "면역요법"은 면역계 또는 면역 반응을 유도, 증진, 억제, 또는 달리 변형시키는 것을 포함하는 방법에 의해 질환을 앓거나, 질환에 걸릴 위험이 있거나, 질환의 재발을 겪는 대상체를 치료하는 것을 지칭한다.
- [0148] "면역자극 요법" 또는 "면역자극성 요법"은, 예를 들어 암을 치료하기 위해, 대상체에서 면역 반응의 증가 (유도 또는 증진)를 발생시키는 요법을 지칭한다.
- [0149] "내인성 면역 반응을 강화시키는 것"은 대상체에서 기존의 면역 반응의 유효성 또는 효력을 증가시키는 것을 의미한다. 유효성 및 효력의 이러한 증가는, 예를 들어 내인성 숙주 면역 반응을 억제하는 메커니즘을 극복함으로써 또는 내인성 숙주 면역 반응을 증진시키는 메커니즘을 자극함으로써 달성될 수 있다.
- [0150] "T 이펙터" ("T<sub>eff</sub>") 세포는 세포용해 활성을 갖는 T 세포 (예를 들어, CD4<sup>+</sup> 및 CD8<sup>+</sup> T 세포), 뿐만 아니라 시토

카인을 분비하여 다른 면역 세포를 활성화시키고 지시하는 T 헬퍼 (Th) 세포, 예를 들어 Th1 세포를 지칭하지만, 조절 T 세포 (Treg 세포)는 포함하지 않는다. 본원에 기재된 특정 항-TIM3 항체는 T<sub>eff</sub> 세포, 예를 들어 CD4<sup>+</sup> 및 CD8<sup>+</sup> T<sub>eff</sub> 세포 및 Th1 세포를 활성화시킨다.

[0151] 면역 반응 또는 면역계를 자극하는 증가된 능력은 T 세포 공동-자극 수용체의 증진된 효능제 활성화 및/또는 억제 수용체의 증진된 길항제 활성화로부터 발생할 수 있다. 면역 반응 또는 면역계를 자극하는 증가된 능력은 면역 반응을 측정하는 검정, 예를 들어 시토카인 또는 케모카인 방출, 세포용해 활성화 (표적 세포 상에서 직접적으로 또는 CD107a 또는 그랜자임을 검출하는 것을 통해 간접적으로 결정됨) 및 증식에서의 변화를 측정하는 검정에서 EC<sub>50</sub>의 배수 증가 또는 활성의 최대 수준에 의해 반영될 수 있다. 면역 반응 또는 면역계 활성을 자극하는 능력은 적어도 10%, 30%, 50%, 75%, 2배, 3배, 5배 또는 그 초과로 증진될 수 있다.

[0152] 본원에 사용된 용어 "연결된"은 2개 이상의 분자의 회합을 지칭한다. 연결은 공유 또는 비-공유일 수 있다. 연결은 또한 유전자적일 수 있다 (즉, 재조합적으로 융합됨). 이러한 연결은 관련 기술분야에서 인식되는 매우 다양한 기술, 예컨대 화학적 접합 및 재조합 단백질 생산을 사용하여 달성될 수 있다.

[0153] 본원에 사용된 "투여"는 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 공지된 다양한 방법 및 전달 시스템 중 임의의 것을 사용하여 대상체에게 치료제를 포함하는 조성물을 물리적으로 도입하는 것을 지칭한다. 본원에 기재된 항-TIM3 항체에 대한 다양한 투여 경로는 정맥내, 복강내, 근육내, 피하, 척수 또는 다른 비경구 투여 경로, 예를 들어 주사 또는 주입에 의한 것을 포함한다. 본원에 사용된 어구 "비경구 투여"는 통상적으로 주사에 의한, 경장 및 국소 투여 이외의 투여 방식을 의미하며, 비제한적으로, 정맥내, 복강내, 근육내, 동맥내, 척수강내, 림프관, 병변내, 피막내, 안와내, 심장내, 폐내, 경기관, 피하, 각피하, 관절내, 피막하, 지주막하, 척수내, 경막 외 및 흉골내 주사 및 주입, 뿐만 아니라 생체내 전기천공을 포함한다. 대안적으로, 본원에 기재된 항체는 비-비경구 경로, 예컨대 국소, 표피 또는 점막 투여 경로를 통해, 예를 들어 비강내로, 경구로, 질내로, 직장으로, 설하로 또는 국소로 투여될 수 있다. 또한, 투여는 예를 들어 1회, 복수회, 및/또는 1회 이상의 연장된 기간에 걸쳐 수행될 수 있다.

[0154] 본원에 사용된 용어 "약 매주 1회", "약 2주마다 1회", 또는 임의의 다른 유사한 투여 간격의 용어는 대략적인 횟수를 의미한다. "약 매주 1회"는 7일 ± 1일마다, 즉 6일마다 내지 8일마다를 포함할 수 있다. "약 2주마다 1회"는 14일 ± 3일마다, 즉 11일마다 내지 17일마다를 포함할 수 있다. 유사한 근사법이, 예를 들어 약 3주마다 1회, 약 4주마다 1회, 약 5주마다 1회, 약 6주마다 1회, 및 약 12주마다 1회에 적용된다. 일부 실시양태에서, 약 6주마다 1회 또는 약 12주마다 1회의 투여 간격은, 제1 용량이 제1주 중 임의의 날에 투여될 수 있고, 이어서 다음 용량이 각각 제6주 또는 제12주 중 임의의 날에 투여될 수 있다는 것을 의미한다. 일부 실시양태에서, 약 6주마다 1회 또는 약 12주마다 1회의 투여 간격은, 제1 용량이 제1주의 특정한 날 (예를 들어, 월요일)에 투여되고, 이어서 다음 용량이 각각 제6주 또는 제12주의 동일한 날 (즉, 월요일)에 투여된다는 것을 의미한다.

[0155] 본원에 사용된 용어 "T 세포-매개 반응"은 이펙터 T 세포 (예를 들어, CD8<sup>+</sup> 세포) 및 헬퍼 T 세포 (예를 들어, CD4<sup>+</sup> 세포)를 포함한 T 세포에 의해 매개되는 반응을 지칭한다. T 세포 매개 반응은, 예를 들어 T 세포 세포독성 및 증식을 포함한다.

[0156] 본원에 사용된 용어 "세포독성 T 림프구 (CTL) 반응"은 세포독성 T 세포에 의해 유도되는 면역 반응을 지칭한다. CTL 반응은 주로 CD8<sup>+</sup> T 세포에 의해 매개된다.

[0157] 본원에 사용된 용어 "억제하다" 또는 "차단하다" (예를 들어, 세포 상의 TIM3에 대한 TIM3-L의 결합의 억제/차단을 지칭함)는 상호교환가능하게 사용되고, 부분 및 완전 억제/차단 둘 다를 포괄한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 TIM3에 대한 TIM3-L의 결합을, 예를 들어 본원에 추가로 기재된 바와 같이 결정 시, 적어도 약 50%, 예를 들어 약 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 또는 100% 억제한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 TIM3에 대한 TIM3-L의 결합을, 예를 들어 본원에 추가로 기재된 바와 같이 결정 시, 50% 이하, 예를 들어 약 40%, 30%, 20%, 10%, 5% 또는 1% 억제한다.

[0158] 본원에 사용된 어구는 "종양의 성장을 억제하다"는 종양의 성장의 임의의 측정가능한 감소, 예를 들어 종양의 성장의 적어도 약 10%, 예를 들어 적어도 약 20%, 적어도 약 30%, 적어도 약 40%, 적어도 약 50%, 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 80%, 적어도 약 90%, 적어도 약 99% 또는 100%의 억제를 포함한다.

- [0159] 본원에 사용된 "암"은 신체 내 비정상 세포의 비제어된 성장을 특징으로 하는 질환의 광범위한 군을 지칭한다. "암" 또는 "암 조직"은 종양을 포함할 수 있다. 비조절된 세포 분열은 이웃 조직을 침습하는 악성 종양 또는 세포의 형성을 발생시킬 수 있고, 림프계 또는 혈류를 통해 신체의 원위 부분으로 전이될 수 있다. 전이 후, 원위 종양은 전이-전 종양"으로부터 유래된" 것으로 언급될 수 있다. 예를 들어, 흑색종"으로부터 유래된 종양"은 전이된 흑색종의 결과인 종양을 지칭한다. 원위 종양이 전이-전 종양으로부터 유래되기 때문에, 종양"으로부터 유래된" 것은 또한 전이-전 종양을 포함할 수 있으며, 예를 들어 흑색종으로부터 유래된 종양은 흑색종을 포함할 수 있다. 일부 실시양태에서, 암 또는 종양은 고형 종양을 포함한다. 일부 실시양태에서, 암 또는 종양은 진행성인 고형 종양을 포함한다. 일부 실시양태에서, 암 또는 종양은 확산된 고형 종양을 포함한다. 일부 실시양태에서, 암 또는 종양은 진행성 악성 종양을 포함한다. 일부 실시양태에서, 암 또는 종양은 전이성 암 또는 종양 (예를 들어, 4기 암 또는 종양)이다.
- [0160] 본원에 사용된 용어 "치료하다", "치료하는", "치료" 및 "요법"은 질환과 연관된 증상, 합병증, 상태 또는 생화학적 징후의 진행, 발달, 중증도 또는 재발을 역전, 완화, 호전, 억제 또는 저속화 또는 예방하거나 또는 전체 생존을 증진시킬 목적으로 대상체에 대해 수행되는 임의의 유형의 개입 또는 과정, 또는 대상체에게 활성제를 투여하는 것을 지칭한다. 치료는 질환을 갖는 대상체 또는 질환을 갖지 않는 대상체 (예를 들어, 예방용)에 대한 것일 수 있다.
- [0161] 본원에 사용된 용어 "표준 관리"는 통상의 기술을 가진 신중한 의사가 특정 질환, 예컨대 암을 치료하기 위해 사용하는 치료 과정을 지칭하는 것으로 사용된다. 표준 관리는 암의 유형 및 병기, 환자의 상태 및 치료 이력 등에 따라 달라질 수 있고, 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 분명할 것이다.
- [0162] "프로그램화된 사멸-1" (PD-1)은 CD28 패밀리에 속하는 면역억제 수용체를 지칭한다. PD-1은 생체내에서 이전에 활성화된 T 세포 상에서 우세하게 발현되고, 2종의 리간드인 PD-L1 및 PD-L2에 결합한다. 본원에 사용된 용어 "PD-1"은 인간 PD-1 (hPD-1), hPD-1의 변이체, 이소형 및 중 상동체, 및 hPD-1과 적어도 1개의 공통 에피토프를 갖는 유사체를 포함한다. 완전한 hPD-1 서열은 진뱅크(GenBank) 수탁 번호 U64863 하에 찾아볼 수 있다.
- [0163] "프로그램화된 사멸 리간드-1" (PD-L1)은 PD-1에 결합 시 T 세포 활성화 및 시토카인 분비를 하향조절하는, PD-1에 대한 2종의 세포 표면 당단백질 리간드 중 하나이다 (다른 것은 PD-L2임). 본원에 사용된 용어 "PD-L1"은 인간 PD-L1 (hPD-L1), hPD-L1의 변이체, 이소형 및 중 상동체, 및 hPD-L1과 적어도 1개의 공통 에피토프를 갖는 유사체를 포함한다. 완전한 hPD-L1 서열은 진뱅크 수탁번호 Q9NZQ7 하에 찾아볼 수 있다.
- [0164] 용어 "유효 용량" 또는 "유효 투여량"은 목적하는 효과를 달성하거나 또는 적어도 부분적으로 달성하기에 충분한 양으로 정의된다. 약물 또는 치료제의 "치료 유효량" 또는 "치료 유효 투여량"은 단독으로 또는 또 다른 치료제와 조합되어 사용되는 경우에, 질환 증상의 중증도의 감소, 질환 증상-부재 기간의 빈도 및 지속기간의 증가, 또는 질환 고통으로 인한 손상 또는 장애의 방지에 의해 입증되는 질환 퇴행을 촉진하는 약물의 임의의 양이다. 약물의 치료 유효량 또는 유효 투여량은 "예방 유효량" 또는 "예방 유효 투여량"을 포함하며, 이는 질환이 발생할 위험 또는 질환의 재발을 겪을 위험이 있는 대상체에게 단독으로 또는 또 다른 치료제와 조합되어 투여되는 경우에, 질환의 발생 또는 재발을 억제하는 약물의 임의의 양이다. 질환 퇴행을 촉진하거나 질환의 발생 또는 재발을 억제하는 치료제의 능력은 숙련된 진료의에게 공지된 다양한 방법을 사용하여, 예컨대 임상 시험 동안 인간 대상체에서, 인간에서의 효능을 예측해주는 동물 모델 시스템에서, 또는 시험관내 검정에서 치료제의 활성을 검정함으로써 평가될 수 있다.
- [0165] 예로서, 항암제는 대상체에서 암 퇴행을 촉진하는 약물이다. 일부 실시양태에서, 치료 유효량의 약물은 암을 제거하는 지점까지 암 퇴행을 촉진한다. "암 퇴행을 촉진하는 것"은 유효량의 약물을 단독으로 또는 항신생물제와 조합하여 투여하여 환자에서 종양 성장 또는 크기의 감소, 종양의 괴사, 적어도 1종의 질환 증상의 중증도의 감소, 질환 증상-부재 기간의 빈도 및 지속기간의 증가, 질환 고통으로 인한 손상 또는 장애의 방지, 또는 달리 질환 증상의 호전을 발생시키는 것을 의미한다. 추가로, 치료와 관련한 용어 "유효한" 및 "유효성"은 약리학적 유효성 및 생리학적 안전성 둘 다를 포함한다. 약리학적 유효성은 환자에서 암 퇴행을 촉진하는 약물의 능력을 지칭한다. 생리학적 안전성은 약물의 투여로부터 발생하는 세포, 기관 및/또는 유기체 수준에서의 독성의 수준, 또는 다른 유해 생리학적 효과 (유해 효과)를 지칭한다.
- [0166] 종양의 치료에 대한 예로서, 치료 유효량 또는 유효 투여량의 약물은 세포 성장 또는 종양 성장을 비치료된 대상체에 비해 적어도 약 20%, 적어도 약 40%, 적어도 약 60% 또는 적어도 약 80% 억제한다. 일부 실시양태에서, 치료 유효량 또는 유효 투여량의 약물은 세포 성장 또는 종양 성장을 완전히 억제하며, 즉 세포 성장 또는 종양 성장을 100% 억제한다. 종양 성장을 억제하는 화합물의 능력은 본원에 기재된 검정을 사용하여 평가될 수



있다. 대안적으로, 조성물의 이러한 특성은 세포 성장을 억제하는 화합물의 능력을 검사함으로써 평가될 수 있고, 이러한 억제는 숙련된 진료의에게 공지된 검정에 의해 시험관내에서 측정될 수 있다. 본원에 기재된 일부 실시양태에서, 종양 퇴행은 적어도 약 20, 30, 40, 50 또는 60일의 기간 동안 관찰되고 계속될 수 있다. 이들 치료 유효성의 궁극적인 측정에도 불구하고, 면역요법 약물의 평가는 또한 "면역-관련 반응 패턴"을 감안해야 한다.

[0167] "면역-관련 반응 패턴"은 암-특이적 면역 반응을 유도함으로써 또는 천연 면역 과정을 변형시킴으로써 항종양 효과를 생성하는, 면역요법제로 치료된 암 환자에서 종종 관찰되는 임상 반응 패턴을 지칭한다. 이러한 반응 패턴은, 전통적인 화학요법제의 평가에서는 질한 진행으로 분류되고 약물 실패와 동의어인 종양 부담의 초기 증가 또는 새로운 병변의 출현에 이어지는 유익한 치료 효과를 특징으로 한다. 따라서, 면역요법제의 적절한 평가는 표적 질환에 대한 이들 작용제의 효과의 장기간 모니터링을 필요로 할 수 있다.

[0168] 용어 "환자"는 예방적 또는 치유적 치료를 받는 인간 대상체를 지칭한다.

[0169] 본원에 사용된 용어 "대상체"는 인간을 지칭한다. 일부 실시양태에서, 대상체는 치료 나이브이다. 일부 실시양태에서, 대상체는 암 또는 종양의 치료를 위한 적어도 1종의 선행 요법을 받았다. 일부 실시양태에서, 대상체는 적어도 1종의 표준 치료 요법을 받은 다음 진행되었거나, 재발되었거나 또는 그에 대해 불내성이었다. 특정한 유형의 암 또는 종양에 대한 다양한 표준 관리 요법이 공지되어 있다. 일부 실시양태에서, 적어도 1종의 표준 치료 요법은 고형 종양 조직학에 따른 진행성 또는 전이성 세팅에서의 치료를 포함한다.

[0170] 본원에 기재된 방법 및 투여량과 관련하여 용어 "균일 용량"의 사용은 환자의 체중 또는 체표면적 (BSA)과 무관하게 환자에게 투여되는 용량을 의미한다. 따라서 균일 용량은 mg/kg 용량으로 제공되지 않고, 오히려 작용제 (예를 들어, 항-TIM3 항체)의 절대량으로서 제공된다. 예를 들어, 60 kg 인간 및 100 kg 인간은 동일한 용량의 항체 (예를 들어, 480 mg의 항-TIM3 항체)를 받을 것이다.

[0171] 본원에 지칭된 용어 "체중 기준" 용량 또는 투여는 환자에게 투여되는 용량이 환자의 체중을 기준으로 하여 계산된다는 것을 의미한다. 예를 들어, 60 kg의 체중을 갖는 환자가 3 mg/kg의 항-TIM3 항체를 요구하는 경우에, 투여를 위해 항-TIM3 항체의 적절한 양 (즉, 180 mg)을 계산하고 사용할 수 있다.

[0172] 본 개시내용의 방법과 관련하여 용어 "고정 용량"의 사용은 단일 조성물 중에 2종 이상의 상이한 항체 (예를 들어, 항-TIM3 항체 및 제2 항체, 예를 들어 항-PD-1 또는 항-PD-L1 항체)가 서로 특정한 (고정된) 비로 조성물 중에 존재한다는 것을 의미한다. 일부 실시양태에서, 고정 용량은 항체의 중량 (예를 들어, mg)을 기준으로 한다. 일부 실시양태에서, 고정 용량은 항체의 농도 (예를 들어, mg/ml)를 기준으로 한다.

[0173] 본원에 사용된 용어 "ug" 및 "uM"은 각각 " $\mu$ g" 및 " $\mu$ M"과 상호교환가능하게 사용된다.

[0174] 본원에 기재된 다양한 측면이 하기 서브섹션에서 추가로 상세하게 기재된다.

[0175] 약어의 목록이 표 1에 제공된다.

[0176] 표 1. 약어의 목록

| 용어       | 정의                                       |
|----------|------------------------------------------|
| Ab       | 항체                                       |
| ADA      | 항-약물 항체                                  |
| ADCC     | 항체-의존성 세포-매개 세포독성                        |
| ADCP     | 항체-의존성 세포성 식세포작용                         |
| AE       | 유해 사건                                    |
| AI       | 축적 지수                                    |
| AI_AUC   | 제1 용량 후 AUC에 대한 정상 상태에서의 AUC의 축적 지수 비    |
| ALP      | 알칼리성 포스파타제                               |
| ALT      | 알라닌 아미노트랜스퍼라제                            |
| ART      | 항레트로바이러스 요법                              |
| AST      | 아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제                        |
| AT       | 아미노트랜스아미나제                               |
| AUC      | 농도-시간 곡선하 면적 (노출)                        |
| AUC(0-T) | 제0 시점에서 마지막 정량화가능한 농도 시점까지의 농도-시간 곡선하 면적 |
| AUC(TAU) | 한 투여 간격에서의 농도-시간 곡선하 면적                  |
| BCR      | B-세포 수용체                                 |
| BICR     | 맹검 독립적 중앙기관 검토                           |
| BLRM     | 베이지안 로지스틱 회귀 모델                          |
| BRAF     | B-Raf 원종양유전자                             |
| BMS      | 브리스톨-마이어스 스텝 (즉, 출원인)                    |
| BOR      | 최상의 전체 반응                                |
| C        | 주기                                       |
| Cav-gss  | 정상-상태 노출                                 |
| CDC      | 보체-의존성-세포독성                              |
| Ceoi     | 주입 종료시의 농도                               |
| CI       | 신뢰 구간                                    |
| CLT      | 전신 클리어런스                                 |
| CLTs     | 전신 혈청 클리어런스                              |

[0177]

[0178]

# I. 본 개시내용의 방법

[0179]

본 개시내용은 암 또는 종양을 갖는 대상체에게 인간 T-세포 이뮤노글로불린 및 뮤신-도메인 함유-3 (TIM3)에 특이적으로 결합하여 예를 들어 TIM3 활성을 억제하는 항체 ("항-TIM3 항체"), 예를 들어 TIM3.18의 치료 유효용량을 단독요법으로서 또는 PD-1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하는, 종양을 치료하거나 암 또는 종양을 갖는 대상체를 치료하는 방법에 관한 것이다.

[0180]

일부 실시양태에서, 본 발명의 방법에 대한 대상체는 고형 암 또는 고형 종양을 갖는 대상체이다. 일부 실시양태에서, 본 발명의 방법에 대한 대상체는 진행성 또는 전이성인 고형 종양을 갖는 대상체이다. 일부 실시양태에서, 본 발명의 방법에 대한 대상체는 전이성, 재발성 및/또는 절제불가능한 진행성 암을 갖는 대상체이다. 일부 실시양태에서, 본 발명의 방법에 대한 대상체는 면역-종양학 요법에 대해 불응성이거나 (즉, 그에 대해 반응하지 않거나 그에 대해 내성이 있거나) 또는 이러한 요법 시 또는 그 후에 진행된 암을 갖는 대상체이다. 일부 실시양태에서, 본 발명의 방법에 대한 대상체는 항-PD1/PD-L1 작용제 요법에 대해 내성이 있거나 또는 이러한 요법 시 진행된 암을 갖는 대상체이다. 일부 실시양태에서, 본 발명의 방법에 대한 대상체는 항-PD1/PD-L1 작용제 요법 단독 또는 또 다른 작용제, 예를 들어 또 다른 면역-종양학 작용제와 조합된 요법에 대해 불응성이거나 (즉, 그에 대해 반응하지 않거나 그에 대해 내성이 있거나) 또는 이러한 요법 시 진행된 암을 갖는 대상체이다.

- [0181] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 암 또는 종양을 갖는 대상체에게 치료 유효 용량의 항-TIM3 항체, 예를 들어 TIM3.18.IgG1, TIM3.18.IgG1.1, TIM3.18.IgG1.3 또는 TIM3.18.IgG4를 단독요법으로서 또는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여되는 것인, 암 또는 종양을 갖는 대상체를 치료하는 방법을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여된다.
- [0182] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 고형 암 또는 고형 종양을 갖는 대상체에게 치료 유효량의 항-TIM3 항체, 예를 들어 TIM3.18.IgG1, TIM3.18.IgG1.1, TIM3.18.IgG1.3 또는 TIM3.18.IgG4를 단독요법으로서 또는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하며, 여기서 TIM3 Ab는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여되는 것인, 고형 암 또는 고형 종양을 갖는 대상체를 치료하는 방법에 관한 것이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여된다.
- [0183] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 진행성 또는 전이성인 고형 종양을 갖는 대상체에게 치료 유효량의 항-TIM3 항체, 예를 들어 TIM3.18.IgG1, TIM3.18.IgG1.1, TIM3.18.IgG1.3 또는 TIM3.18.IgG4를 단독요법으로서 또는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여되는 것인, 진행성 또는 전이성인 고형 종양을 갖는 대상체를 치료하는 방법을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여된다.
- [0184] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 전이성, 재발성 및/또는 절제불가능한 진행성 암을 갖는 대상체에게 치료 유효량의 항-TIM3 항체, 예를 들어 TIM3.18.IgG1, TIM3.18.IgG1.1, TIM3.18.IgG1.3 또는 TIM3.18.IgG4를 단독요법으로서 또는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여되는 것인, 전이성, 재발성 및/또는 절제불가능한 진행성 암을 갖는 대상체를 치료하는 방법에 관한 것이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여된다.
- [0185] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 면역-종양학 요법에 대해 불응성이거나 (즉, 그에 대해 반응하지 않거나 그에 대해 내성이 있거나) 또는 이러한 요법 시 또는 그 후에 진행된 암을 갖는 대상체에게 치료 유효량의 항-TIM3 항체, 예를 들어 TIM3.18.IgG1, TIM3.18.IgG1.1, TIM3.18.IgG1.3 또는 TIM3.18.IgG4를 단독요법으로서 또는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여되는 것인, 상기 암을 갖는 대상체를 치료하는 방법을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여된다.
- [0186] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 항-PD1/PD-L1 작용제 요법에 대해 내성이 있거나 또는 이러한 요법 시 진행된 암을 갖는 대상체에게 치료 유효량의 항-TIM3 항체, 예를 들어 TIM3.18.IgG1, TIM3.18.IgG1.1, TIM3.18.IgG1.3 또는 TIM3.18.IgG4를 단독요법으로서 또는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여되는 것인, 상기 암을 갖는 대상체를 치료하는 방법에 관한 것이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여된다.
- [0187] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 항-PD1/PD-L1 작용제 요법 단독 또는 또 다른 작용제, 예를 들어 또 다른 면역-종양학 작용제와 조합된 요법에 대해 불응성이거나 (즉, 그에 대해 반응하지 않거나 그에 대해 내성이 있거나) 또는 이러한 요법 시 진행된 암을 갖는 대상체에게 치료 유효량의 항-TIM3 항체, 예를 들어 TIM3.18.IgG1, TIM3.18.IgG1.1, TIM3.18.IgG1.3 또는 TIM3.18.IgG4를 단독요법으로서 또는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함하며, 여기서 항-TIM3 항체는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여되는 것인, 상기 암을 갖는 대상체를 치료하는 방법을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제는 1, 2, 3, 4 또는 5주마다 투여된다.
- [0188] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0189] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0190] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg을 2주마다 투여하는





- [illegible]

결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.

- [illegible]



는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.

- [0235] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0236] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0237] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0238] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0239] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0240] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 4 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0241] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 8 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0242] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 16 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0243] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 24 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0244] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 48 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0245] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 72 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0246] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 140 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0247] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 200 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0248] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 350 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0249] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 480 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0250] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 600 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0251] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 800 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0252] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 1000 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0253] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 4 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0254] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 8 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0255] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 16 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0256] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 24 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0257] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 48 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0258] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 72 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0259] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 140 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0260] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 200 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0261] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 350 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0262] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 480 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0263] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 600 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는

두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0264] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 800 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0265] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 1000 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0266] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 4 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0267] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 8 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0268] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 16 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0269] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 24 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0270] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 48 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0271] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 72 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0272] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 140 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0273] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 200 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0274] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 350 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0275] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0276] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 600 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0277] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 800 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0278] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 1000 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상

체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0279] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 4 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0280] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 8 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0281] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 16 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0282] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 24 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0283] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 48 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0284] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 72 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0285] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 140 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0286] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 200 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0287] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 350 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0288] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 480 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0289] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0290] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 800 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0291] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 1000 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0292] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 4 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.



- [illegible]

암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0308] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 24 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0309] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 48 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0310] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 72 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0311] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 140 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0312] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 200 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0313] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 350 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0314] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 480 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0315] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 600 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0316] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 800 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0317] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 1000 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0318] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 4 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0319] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 8 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0320] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 16 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0321] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 24 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0322] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 48 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체



서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0323] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 72 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0324] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 140 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0325] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 200 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0326] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 350 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0327] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0328] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 600 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0329] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 800 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0330] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 1000 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0331] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 4 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0332] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 8 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0333] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 16 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0334] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 24 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0335] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 48 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0336] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 72 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0337] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 140 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0338] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 200 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0339] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 350 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0340] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 480 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0341] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0342] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 800 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0343] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 1000 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0344] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 4 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0345] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 8 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0346] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 16 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0347] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 24 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0348] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 48 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0349] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 72 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0350] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 140 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0351] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 200 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경

부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0352] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 350 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0353] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 480 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0354] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 600 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0355] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 800 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0356] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 1000 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0357] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 4 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0358] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 8 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0359] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 16 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0360] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 24 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0361] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 48 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0362] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 72 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0363] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 140 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0364] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 200 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0365] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 350 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0366] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 480 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대

상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0367] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 600 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0368] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 800 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0369] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 1000 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0370] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 4 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0371] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 8 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0372] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 16 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0373] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 24 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0374] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 48 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0375] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 72 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0376] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 140 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0377] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 200 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0378] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 350 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0379] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0380] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 600 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [illegible]



부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0396] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 4 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0397] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 8 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0398] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 16 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0399] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 24 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0400] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 48 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0401] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 72 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0402] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 140 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0403] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 200 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0404] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 350 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0405] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 480 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0406] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 600 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0407] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 800 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0408] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 1000 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0409] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 4 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0410] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 8 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체

에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0411] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 16 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0412] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 24 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0413] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 48 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0414] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 72 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0415] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 140 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0416] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 200 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0417] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 350 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0418] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 480 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0419] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 600 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0420] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 800 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0421] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 1000 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0422] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 4 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0423] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 8 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0424] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 16 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0425] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 24 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0426] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 48 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0427] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 72 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0428] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 140 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0429] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 200 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0430] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 350 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0431] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0432] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 600 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0433] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 800 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0434] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 1000 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0435] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 4 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0436] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 8 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0437] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 16 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0438] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 24 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0439] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 48 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는

두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0440] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 72 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0441] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 140 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0442] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 200 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0443] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 350 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0444] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 480 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0445] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0446] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 800 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0447] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 1000 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0448] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0449] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0450] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0451] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0452] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0453] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형



종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0454] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0455] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0456] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0457] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0458] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0459] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0460] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0461] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0462] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0463] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0464] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0465] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 48 mg 및 PD-



1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0466] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0467] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0468] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0469] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0470] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0471] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0472] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0473] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0474] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0475] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0476] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0477] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 24 mg 및 PD-

1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

[0478] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

[0479] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

[0480] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

[0481] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

[0482] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

[0483] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

[0484] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

[0485] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

[0486] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

[0487] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

[0488] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

한다.

- [0489] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0490] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0491] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0492] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0493] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0494] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0495] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0496] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0497] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0498] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0499] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0500] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암,





을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [illegible]



- [0530] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0531] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0532] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0533] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0534] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0535] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0536] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0537] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0538] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0539] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 개시한다.
- [0540] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0541] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0542] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0543] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0544] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장

암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [illegible]

루마스를 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [illegible]

- [illegible]



결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0589] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0590] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0591] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 개시한다.
- [0592] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0593] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0594] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0595] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0596] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0597] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0598] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0599] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0600] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0601] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0602] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0603] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.1f 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니





- [illegible]

장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [0633] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0634] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0635] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0636] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0637] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0638] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0639] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0640] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0641] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0642] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0643] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 개시한다.
- [0644] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0645] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0646] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0647] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을

5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.

- [0648] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0649] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0650] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0651] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0652] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0653] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0654] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0655] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1.3f 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0656] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0657] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0658] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0659] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0660] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시



된다.

- [0661] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0662] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0663] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0664] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0665] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0666] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0667] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0668] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0669] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0670] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0671] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0672] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길



항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0673] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0674] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0675] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.

[0676] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.

[0677] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0678] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0679] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

**[0680]** 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0681] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0682] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.

[0683] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된

다.

- [0684] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0685] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0686] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0687] 일부 실시양태에서 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0688] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0689] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0690] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0691] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0692] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0693] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0694] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맙 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0695] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항



된다.

- [0707] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항-TIM3 항체 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0708] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0709] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG1 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0710] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0711] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0712] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0713] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0714] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0715] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0716] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0717] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0718] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0719] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0720] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG1 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 240 mg을 2주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.



- [illegible]





mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [illegible]

- [illegible]









- [illegible]

신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.

- [illegible]



- [illegible]







360 mg을 3주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.

- [illegible]

- [0897] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0898] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0899] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0900] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0901] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0902] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 480 mg을 4주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 제공된다.
- [0903] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 4 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 개시한다.
- [0904] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 8 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0905] 일부 실시양태에서, 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 16 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법이 본원에 개시된다.
- [0906] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 24 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0907] 일부 실시양태에서, 본 출원은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 48 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0908] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 72 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0909] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 140 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0910] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 200 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0911] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 350 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신

암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.

- [0912] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 480 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0913] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 600 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 포함한다.
- [0914] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 800 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법에 관한 것이다.
- [0915] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 대상체에게 TIM3.18.IgG4P 1000 mg 및 PD-1/PD-L1 길항제, 예를 들어 니볼루맵 600 mg을 5주마다 투여하는 것을 포함하는, 대상체에서 암 (예를 들어, 고형 종양, 예컨대 유방암, 폐암, 신암, 결장암, 결장직장암, 간암, 흑색종 또는 두경부암)을 치료하는 방법을 제공한다.
- [0916] 일부 실시양태에서, TIM3.18.IgG1.1f는 서열식별번호: 349 또는 350을 포함하는 중쇄 및 서열식별번호: 29를 포함하는 경쇄를 포함한다. 일부 실시양태에서, TIM3.18.IgG1.3f는 서열식별번호: 351 또는 352를 포함하는 중쇄 및 서열식별번호: 29를 포함하는 경쇄를 포함한다. 일부 실시양태에서, TIM3.18.IgG4P는 서열식별번호: 353 또는 354를 포함하는 중쇄 및 서열식별번호: 29를 포함하는 경쇄를 포함한다.
- [0917] 일부 실시양태에서, TIM3.18의 VH 도메인은 하기 아미노산 서열을 포함한다:  
**QLQLQESGPGVLKPKSETLSLTCTVSGGSISRSYYWGWRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTY**  
**YQPSLSKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFEPWQGQTLVTSS**  
 (SEQ ID NO: 364).
- 일부 실시양태에서, TIM3.18의 VL 도메인은 하기 아미노산 서열을 포함한다:  
**EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQKPGQAPRLLIYGASSRATGIPDRFSGSG**  
**SGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQYQGSSPITFGQGTRLEIK** (SEQ ID NO: 60).
- [0918] "TIM3.18.IgG4" 및 "TIM3.18.IgG4P" 본원에서 상호교환가능하게 사용된다.
- [0919] 일부 실시양태에서, 본원에 기재된 면역요법은 이러한 방법에 의해 해소될 수 있거나 예방될 수 있는 임의의 상태를 앓고 있는 환자를 치료하기 위해 사용될 수 있다. 예시적인 상태는 암, 예컨대 섬유육종, 점액육종, 지방육종, 연골육종, 골원성 육종, 척삭종, 혈관육종, 내피육종, 림프관육종, 림프관내피육종, 활막종, 중피종, 유잉 종양, 평활근육종, 횡문근육종, 결장 암종, 췌장암, 유방암 (예를 들어, 삼중 음성 유방암), 난소암, 전립선암, 결장직장암, 비소세포 폐암 (NSCLC), 편평 세포암, 기저 세포암, 두경부의 암종 (예를 들어, 두경부의 편평 세포 암종), 선암종, 한선 암, 피지선 암, 유두상 암, 유두상 선암종, 낭선암종, 수질성 암, 기관지원성 암, 신 세포암 (예를 들어, 신세포 암종), 간세포암, 담관암, 옴모막암종, 정상피종, 배아성 암, 윌름스 종양, 자궁경부암, 고환암, 폐암, 소세포 폐암, 방광암 (예를 들어, 요로상피 암종), 상피암, 신경교종, 성상세포종, 수모세포종, 두개인두종, 상의세포종, 송과체종, 혈관모세포종, 청신경종, 핏지교종, 수막종, 흑색종, 신경모세포종, 망막모세포종 및 백혈병이다.
- [0920] 임의의 상기 방법에서, 암은 방광암, 유방암, 자궁암/자궁경부암, 난소암, 전립선암, 고환암, 식도암, 위장암, 췌장암, 결장직장암, 결장암, 신장암, 두경부암, 폐암, 위암, 배세포암, 골암, 간암, 갑상선암, 피부암, 중추신경계의 신생물, 림프종, 백혈병, 골수종, 육종, 바이러스-관련 암 또는 그의 임의의 조합일 수 있다.
- [0921] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 가용성 인간 TIM3과 상호작용한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 세포의 표면 상에 발현된 인간 TIM3과 상호작용하며, 여기서 세포는 면역 세포이다. 일부 실시양태에서, 세포는 단핵구, 대식세포, 수지상 세포 (DC), NK 세포, CD4<sup>+</sup> T 세포, CD8<sup>+</sup> T 세포 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 (i) TIM3-발현 T 세포 (예를 들어, Th1 세포 또는 TIL)에서의 증가된 IFN- $\gamma$  생산 및/또는 (ii) TIM3-발현 T 세포 (예를 들어, Th1 세포 또는 TIL)의 증진된 증식에 의해 입증된 바와 같이 T 세포 활성화를 유도하거나 증진시킨다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 CD4<sup>+</sup> 조절 T 세포의 클론 확장을 억제하거나 또는 촉진하지 않는다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 T 세포의

이펙터 활성을 증가시킴으로써 (예를 들어, 증가된 IFN- $\gamma$  생산) 항종양 면역 반응을 촉진한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 T 세포 (예를 들어, Th1 세포 또는 TIL)의 수를 증가시킴으로써 항종양 면역 반응을 촉진한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 CD4<sup>+</sup> 조절 T 세포의 확장을 억제하여 면역억제 반응을 억제함으로써 항종양 면역 반응을 촉진한다.

[0922] 일부 실시양태에서, 대상체는 1, 2, 3, 4, 5종 또는 그 초과 of 선행 암 치료를 받았다. 일부 실시양태에서, 대상체는 다른 암 치료 시 진행되었다. 일부 실시양태에서, 선행 암 치료는, 예를 들어 신세포 암종을 위한 항혈관신생 치료 요법 (예를 들어, 수니티닙, 소라페닙, 파조파닙, 악시티닙, 티보자닙, 베바시주맙 또는 그의 임의의 조합)을 포함하였다. 일부 실시양태에서, 선행 암 치료는 전이성 및/또는 절제불가능한 질환, 예를 들어 결장직장암을 위한 표준 전신 요법 (예를 들어, 옥살리플라틴, 이리노테칸 또는 그의 조합)을 포함하였다. 일부 실시양태에서, 선행 암 치료는, 예를 들어 NSCLC를 위한 백금-기반 화학요법을 포함하였다. 일부 실시양태에서, 종양은 진행성, 재발성, 전이성 및/또는 불응성이다.

[0923] 일부 실시양태에서, 대상체는 신세포 암종 (RCC)을 갖고, 예를 들어 항-PD-1 요법 (다른 면역-종양학 작용제와 조합되거나 또는 그렇지 않음)을 받았으며 이러한 요법 시 또는 그 후에 진행되었다. 일부 실시양태에서, 대상체는 미소위성체 불안정성 높은 (MSI-H) 결장직장 암종 (CRC)을 갖고, 예를 들어 항-PD-1 요법을 받았으며 이러한 요법 시 또는 그 후에 진행되었다. 일부 실시양태에서, 대상체는 미소위성체 안정한 (MSS) CRC를 갖는다. 일부 실시양태에서, 대상체는 비소세포 폐 암종 (NSCLC)을 갖고, 예를 들어 항-PD-1 요법을 받았으며 이러한 요법 시 또는 그 후에 진행되었다. 일부 실시양태에서, 대상체는 두경부의 편평 세포 암종 (SCCHN)을 갖고, 예를 들어 항-PD-1 요법을 받았으며 이러한 요법 시 또는 그 후에 진행되었다.

[0924] 일부 실시양태에서, RCC 대상체는 진행성 또는 전이성 세팅에서 적어도 1종 내지 2종 이하의 선행 항혈관신생 치료 요법 (수니티닙, 소라페닙, 파조파닙, 악시티닙, 티보자닙 및 베바시주맙을 포함하나 이에 제한되지는 않음)을 받았음에 틀림없다. 일부 실시양태에서, RCC 대상체는 선행 시토킨 요법 (예를 들어, IL-2 또는 IFN- $\gamma$ ), 백신 요법 또는 세포독성제에 의한 치료를 받았다. 일부 실시양태에서, RCC 대상체는 이전에 항-PD-L1 요법을 (다른 면역-종양학 작용제와 함께 또는 그 없이) 받았다. 일부 실시양태에서, RCC 대상체는 이전에 항-PD-L1 요법을 받지 않았다 (즉, 항-PD-L1 요법 나이트).

[0925] 일부 실시양태에서, CRC 대상체는 옥살리플라틴 및 이리노테칸을 포함한, 전이성 및/또는 절제불가능한 질환을 위한 적어도 1종의 표준 전신 요법을 받은 다음 이러한 요법 시 또는 그 후에 진행되었거나, 또는 이러한 요법에 대해 불내성 또는 불응성이었음에 틀림없다 (또는 아주반트 요법 6개월 이내에 진행되었음). 일부 실시양태에서, CRC 대상체는 미소위성체 불안정성 (MSI) 또는 미스매치 복구 (MMR) 상태를 알아야 한다. 일부 실시양태에서, CRC 대상체는 그 또는 그녀의 V-Ki-ras2 키르스텐(Kirsten) 래트 육종 바이러스 종양유전자 상동체 (KRAS) 및 B-Raf 원종양유전자 (BRAF) 상태를 알고 있다. 일부 실시양태에서, CRC 대상체는 선행 항혈관신생 요법 (예를 들어, 베바시주맙) 및/또는 항-표피 성장 인자 수용체 요법 (예를 들어, 세툽시맙 또는 파니투무맙)을 받았다.

[0926] 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 요법 (예를 들어, 항-TIM3 항체의 투여)은 대상체의 생존 기간을 효과적으로 증가시킨다. 예를 들어, 대상체의 생존 기간은 항-TIM3 항체로 치료되지 않은 (예를 들어, 화학요법 단독으로 치료된) 또 다른 대상체와 비교하였을 때 적어도 약 1개월, 적어도 약 2개월, 적어도 약 3개월, 적어도 약 4개월, 적어도 약 5개월, 적어도 약 6개월, 적어도 약 7개월, 적어도 약 8개월, 적어도 약 9개월, 적어도 약 10개월, 적어도 약 11개월 또는 적어도 약 1년 또는 그 초과 (예를 들어, 약 2, 3, 4 또는 5년)만큼 증가된다.

[0927] 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 요법은 대상체의 무진행 생존 기간을 효과적으로 증가시킨다. 예를 들어, 대상체의 무진행 생존 기간은 항-TIM3 항체로 치료되지 않은 (예를 들어, 화학요법 단독으로 치료된) 또 다른 대상체와 비교하였을 때 적어도 약 1개월, 적어도 약 2개월, 적어도 약 3개월, 적어도 약 4개월, 적어도 약 5개월, 적어도 약 6개월, 적어도 약 7개월, 적어도 약 8개월, 적어도 약 9개월, 적어도 약 10개월, 적어도 약 11개월 또는 적어도 약 1년 (예를 들어, 약 2, 3, 4 또는 5년)만큼 증가된다.

[0928] 일부 실시양태에서, 본 개시내용의 요법은 대상체 군에서의 반응률을 효과적으로 증가시킨다. 예를 들어, 대상체 군에서의 반응률은 항-TIM3 항체로 치료되지 않은 (예를 들어, 화학요법 단독으로 치료된) 또 다른 대상체 군과 비교하였을 때 적어도 약 2%, 적어도 약 3%, 적어도 약 4%, 적어도 약 5%, 적어도 약 10%, 적어도 약 15%, 적어도 약 20%, 적어도 약 25%, 적어도 약 30%, at 마지막 약 35%, 적어도 약 40%, 적어도 약 45%, 적어도 약 50%, 적어도 약 55%, 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도



약 90%, 적어도 약 95%, 적어도 약 99% 또는 적어도 약 100%만큼 증가된다.

[0929] 일부 실시양태에서, 방법은 치료를 필요로 하는 대상체에게 유효량의 항-TIM3 항체를 단독으로 또는 PD-1 신호 전달 경로의 억제제 (예를 들어, 항-PD-1 항체 또는 항-PD-L1 항체)와 조합하여 투여하는 것을 포함한다. 항-TIM3 항체 및/또는 항-PD-1 항체의 유효량은 균일 용량, 체중 기준 용량 또는 둘 다일 수 있다. 투여 요법은 최적의 목적하는 반응, 예를 들어 최대의 치료 반응 및/또는 최소의 부작용을 제공하도록 조정된다. 후속 개시 내용은 항-PD-1 항체에 대한 투여를 개시하지만, 이러한 개시내용은 항-PD-L1 항체에 동등하게 적용가능할 수 있다.

[0930] 일부 실시양태에서, 단독요법 또는 조합 요법을 위한 항-TIM3 항체는 균일 용량, 예를 들어 1 mg 내지 960 mg으로 투여된다. 일부의 실시양태에서, 균일 용량은 약 2 mg 내지 약 800 mg, 약 4 mg 내지 약 800 mg, 약 8 mg 내지 약 800 mg, 약 16 mg 내지 약 800 mg, 약 24 mg 내지 약 800 mg, 약 36 mg 내지 약 800 mg, 약 40 mg 내지 약 800 mg, 약 48 mg 내지 약 800 mg, 약 54 mg 내지 약 800 mg, 약 64 mg 내지 약 800 mg, 약 72 mg 내지 약 800 mg, 약 80 mg 내지 약 800 mg, 약 100 mg 내지 약 800 mg, 약 150 mg 내지 약 800 mg, 약 160 mg 내지 약 800 mg, 약 180 mg 내지 약 800 mg, 약 200 mg 내지 약 800 mg, 약 240 mg 내지 약 800 mg, 약 300 mg 내지 약 800 mg, 약 320 mg 내지 약 800 mg, 약 350 mg 내지 약 800 mg, 약 360 mg 내지 약 800 mg, 약 380 mg 내지 약 800 mg, 약 400 mg 내지 약 800 mg, 약 420 mg 내지 약 800 mg, 약 440 mg 내지 약 800 mg, 약 450 mg 내지 약 800 mg, 약 460 mg 내지 약 800 mg, 약 480 mg 내지 약 800 mg, 또는 약 500 mg 내지 약 800 mg 범위이다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 2 mg 내지 약 640 mg, 약 4 mg 내지 약 640 mg, 약 8 mg 내지 약 640 mg, 약 16 mg 내지 약 640 mg, 약 24 mg 내지 약 640 mg, 약 36 mg 내지 약 640 mg, 약 40 mg 내지 약 640 mg, 약 48 mg 내지 약 640 mg, 약 54 mg 내지 약 640 mg, 약 64 mg 내지 약 640 mg, 약 72 mg 내지 약 640 mg, 약 80 mg 내지 약 640 mg, 약 100 mg 내지 약 640 mg, 약 150 mg 내지 약 640 mg, 약 160 mg 내지 약 640 mg, 약 180 mg 내지 약 640 mg, 약 200 mg 내지 약 640 mg, 약 240 mg 내지 약 640 mg, 약 300 mg 내지 약 640 mg, 약 320 mg 내지 약 640 mg, 약 350 mg 내지 약 640 mg, 약 360 mg 내지 약 640 mg, 약 380 mg 내지 약 640 mg, 약 400 mg 내지 약 640 mg, 약 420 mg 내지 약 640 mg, 약 440 mg 내지 약 640 mg, 약 450 mg 내지 약 640 mg, 약 460 mg 내지 약 640 mg, 약 480 mg 내지 약 640 mg, 약 500 mg 내지 약 640 mg, 약 540 mg 내지 약 640 mg, 약 560 mg 내지 약 640 mg 범위이다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 2 mg 내지 약 500 mg, 약 4 mg 내지 약 500 mg, 약 8 mg 내지 약 500 mg, 약 16 mg 내지 약 500 mg, 약 24 mg 내지 약 500 mg, 약 36 mg 내지 약 500 mg, 약 40 mg 내지 약 500 mg, 약 48 mg 내지 약 500 mg, 약 54 mg 내지 약 500 mg, 약 64 mg 내지 약 500 mg, 약 72 mg 내지 약 500 mg, 약 80 mg 내지 약 500 mg, 약 100 mg 내지 약 500 mg, 약 150 mg 내지 약 500 mg, 약 160 mg 내지 약 500 mg, 약 180 mg 내지 약 500 mg, 약 200 mg 내지 약 500 mg, 약 240 mg 내지 약 500 mg, 약 300 mg 내지 약 500 mg, 약 320 mg 내지 약 500 mg, 약 350 mg 내지 약 500 mg, 약 360 mg 내지 약 500 mg, 약 380 mg 내지 약 500 mg, 약 400 mg 내지 약 500 mg, 약 420 mg 내지 약 500 mg, 약 440 mg 내지 약 500 mg, 약 450 mg 내지 약 500 mg, 약 460 mg 내지 약 500 mg, 또는 약 480 mg 내지 약 500 mg 범위이다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 2 mg 내지 약 480 mg, 약 4 mg 내지 약 480 mg, 약 8 mg 내지 약 480 mg, 약 16 mg 내지 약 480 mg, 약 24 mg 내지 약 480 mg, 약 36 mg 내지 약 480 mg, 약 40 mg 내지 약 480 mg, 약 48 mg 내지 약 480 mg, 약 54 mg 내지 약 480 mg, 약 64 mg 내지 약 480 mg, 약 72 mg 내지 약 480 mg, 약 80 mg 내지 약 480 mg, 약 100 mg 내지 약 480 mg, 약 150 mg 내지 약 480 mg, 약 160 mg 내지 약 480 mg, 약 180 mg 내지 약 480 mg, 약 200 mg 내지 약 480 mg, 약 240 mg 내지 약 480 mg, 약 300 mg 내지 약 480 mg, 약 320 mg 내지 약 480 mg, 약 350 mg 내지 약 480 mg, 약 360 mg 내지 약 480 mg, 약 380 mg 내지 약 480 mg, 약 400 mg 내지 약 480 mg, 약 420 mg 내지 약 480 mg, 약 440 mg 내지 약 480 mg, 약 450 mg 내지 약 480 mg, 또는 약 460 mg 내지 약 480 mg 범위이다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 240 mg 내지 약 480 mg, 약 360 mg 내지 약 480 mg, 약 400 mg 내지 약 500 mg, 약 300 mg 내지 약 500 mg, 또는 약 300 mg 내지 약 400 mg 범위이다.

[0931] 일부 실시양태에서, 단독요법 또는 조합 요법을 위한 항-TIM3 항체는 약 2 mg, 약 4 mg, 8 mg, 약 10 mg, 약 16 mg, 약 20 mg, 약 24 mg, 약 30 mg, 약 36 mg, 약 40 mg, 약 48 mg, 약 50 mg, 약 54 mg, 약 64 mg, 약 72 mg, 약 80 mg, 약 90 mg, 약 100 mg, 약 110 mg, 약 120 mg, 약 130 mg, 약 140 mg, 약 150 mg, 약 160 mg, 약 170 mg, 약 180 mg, 약 190 mg, 약 200 mg, 약 210 mg, 약 220 mg, 약 230 mg, 약 240 mg, 약 250 mg, 약 260 mg, 약 270 mg, 약 280 mg, 약 290 mg, 약 300 mg, 약 310 mg, 약 320 mg, 약 330 mg, 약 340 mg, 약 350 mg, 약 360 mg, 약 370 mg, 약 380 mg, 약 390 mg, 약 400 mg, 약 410 mg, 약 420 mg, 약 430 mg, 약 440 mg, 약 450 mg, 약 460 mg, 약 470 mg, 약 480 mg, 약 490 mg, 약 500 mg, 약 510 mg, 약 520 mg, 약 530 mg, 약 540 mg, 약 550 mg, 약 560 mg, 약 570 mg, 약 580 mg, 약 590 mg, 약 600 mg, 약 610 mg, 약 620 mg, 약 630 mg, 약 640 mg, 약 650 mg, 약 660 mg, 약 700 mg, 약 720 mg, 약 750 mg, 약 760 mg 또는 약 800 mg의 균일



용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 240 mg, 약 360 mg 또는 약 480 mg이다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 240 mg이다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 360 mg이다. 일부 실시양태에서, 균일 용량은 약 480 mg이다.

[0932] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 1 mg, 4 mg, 8 mg, 24 mg, 72 mg, 150 mg, 240 mg, 480 mg, 600 mg, 800 mg 또는 1000 mg의 균일 용량으로 3, 4 또는 5주마다 투여된다.

[0933] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는, 120 mg, 240 mg 또는 480 mg의 균일 용량으로 각각 2, 3 또는 4주마다 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합되어, 1 mg, 4 mg, 8 mg, 24 mg, 72 mg, 150 mg, 240 mg, 480 mg, 600 mg, 800 mg 또는 1000 mg의 균일 용량으로 3, 4 또는 5주마다 투여된다.

[0934] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는, 480 mg의 균일 용량으로 4주마다 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합되어, 1 mg, 4 mg, 8 mg, 24 mg, 72 mg, 150 mg, 240 mg, 480 mg, 600 mg, 800 mg 또는 1000 mg의 균일 용량으로 4주마다 투여되며, 여기서 항-TIM3 항체 및 PD1/PD-L1 경로 억제제는 대상체에게 동일한 날에 i.v. 투여된다.

[0935] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는, 480 mg의 균일 용량으로 4주마다 투여되는 PD1/PD-L1 경로 억제제와 조합되어, 1 mg, 4, 8, 24, 72, 150, 240, 480, 600, 800 mg 또는 1000 mg의 균일 용량으로 4주마다 투여되며, 여기서 항-TIM3 항체 및 PD1/PD-L1 경로 억제제는 대상체에게 동일한 날에 i.v. 투여되며, 여기서 PD1/PD-L1 경로 억제제는 항-TIM3 항체 전에 투여된다.

[0936] 일부 실시양태에서, 단독요법 또는 조합 요법을 위한 항-TIM3 항체는 체중-기준 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 체중-기준 용량은 약 0.0125 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.025 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.05 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 1.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 3.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 4.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 5.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 6.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 7 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 7.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 8 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 8.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 약 9 mg/kg 내지 약 10 mg/kg, 또는 약 9.5 mg/kg 내지 약 10 mg/kg 범위이다. 일부 실시양태에서, 체중-기준 용량은 약 0.0125 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.025 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.05 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 1.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 3.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 4.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 5.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 6.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 약 7 mg/kg 내지 약 8 mg/kg, 또는 약 7.5 mg/kg 내지 약 8 mg/kg 범위이다. 일부 실시양태에서, 체중-기준 용량은 약 0.0125 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 0.025 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 0.05 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 1.5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 3.5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 4.5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 5.5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 또는 약 6.5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg 범위이다.

[0937] 일부 실시양태에서, 체중-기준 용량은 약 0.0125 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 0.025 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 0.05 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 0.1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 0.3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 0.9 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 1.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 2.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 3.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 4.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 또는 약 5.5 mg/kg 내지 약 6 mg/kg 범위이다. 일부 실시양태에서, 체중-기준 용량은 약 1 mg/kg 내지 약 2 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 6 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 또는 약 6 mg/kg 내지 약 8 mg/kg 범위이다.

[0938] 일부 실시양태에서, 단독요법 또는 조합 요법을 위한 항-TIM3 항체는 약 0.1 mg/kg, 약 0.3 mg/kg, 약 0.9 mg/kg, 약 1 mg/kg, 약 1.5 mg/kg, 약 2 mg/kg, 약 2.5 mg/kg, 약 3 mg/kg, 약 3.5 mg/kg, 약 4 mg/kg, 약 4.5 mg/kg, 약 5 mg/kg, 약 5.5 mg/kg, 약 6 mg/kg, 약 6.5 mg/kg, 약 7 mg/kg, 약 7.5 mg/kg, 약 8 mg/kg,

약 8.5 mg/kg, 약 9 mg/kg, 약 9.5 mg/kg 또는 약 10 mg/kg의 체중-기준 용량으로 투여된다.

- [0939] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 치료 유효량의 항-PD-1 항체 (예를 들어, 니볼루맵)와 함께 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 약 80 mg 내지 약 640 mg 범위의 균일 용량 또는 약 1 mg/kg 내지 약 8 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여된다.
- [0940] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 사용되는 항-PD-1 항체는 약 100 mg 내지 약 640 mg, 약 120 mg 내지 약 640 mg, 약 150 mg 내지 약 640 mg, 약 160 mg 내지 약 640 mg, 약 180 mg 내지 약 640 mg, 약 240 mg 내지 약 640 mg, 약 300 mg 내지 약 640 mg, 약 320 mg 내지 약 640 mg, 약 360 mg 내지 약 640 mg, 약 400 mg 내지 약 640 mg, 약 420 mg 내지 약 640 mg, 약 480 mg 내지 약 640 mg, 약 540 mg 내지 약 640 mg, 약 560 mg 내지 약 640 mg, 약 100 mg 내지 약 560 mg, 약 120 mg 내지 약 560 mg, 약 150 mg 내지 약 560 mg, 약 160 mg 내지 약 560 mg, 약 180 mg 내지 약 560 mg, 약 240 mg 내지 약 560 mg, 약 300 mg 내지 약 560 mg, 약 320 mg 내지 약 560 mg, 약 360 mg 내지 약 560 mg, 약 400 mg 내지 약 560 mg, 약 420 mg 내지 약 560 mg, 약 480 mg 내지 약 560 mg, 약 100 mg 내지 약 500 mg, 약 120 mg 내지 약 500 mg, 약 150 mg 내지 약 500 mg, 약 160 mg 내지 약 500 mg, 약 180 mg 내지 약 500 mg, 약 240 mg 내지 약 500 mg, 약 300 mg 내지 약 500 mg, 약 320 mg 내지 약 500 mg, 약 360 mg 내지 약 500 mg, 약 400 mg 내지 약 500 mg, 약 420 mg 내지 약 500 mg, 약 450 mg 내지 약 500 mg, 약 480 mg 내지 약 500 mg, 약 240 mg 내지 약 400 mg, 약 300 mg 내지 약 400 mg, 약 320 mg 내지 약 400 mg, 또는 약 360 mg 내지 약 400 mg 범위의 균일 용량으로 투여된다.
- [0941] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 사용되는 항-PD-1 항체는 약 100 mg, 약 120 mg, 약 140 mg, 약 160 mg, 약 180 mg, 약 200 mg, 약 240 mg, 약 300 mg, 약 360 mg, 약 420 mg, 약 450 mg, 약 480 mg, 약 500 mg, 약 540 mg, 약 560 mg, 약 600 mg 또는 약 640 mg의 균일 용량으로 투여된다.
- [0942] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 사용되는 항-PD-1 항체는 약 1 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 1 mg/kg 내지 약 2 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 2 mg/kg 내지 약 3 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 3 mg/kg 내지 약 4 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 약 4 mg/kg 내지 약 5 mg/kg, 약 5 mg/kg 내지 약 7 mg/kg, 약 5mg/kg 내지 약 6 mg/kg, 또는 약 6 mg/kg 내지 약 7 mg/kg 범위의 체중-기준 용량으로 투여된다.
- [0943] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와 조합되어 사용되는 항-PD-1 항체는 약 1 mg/kg, 약 2 mg/kg, 약 3 mg/kg, 약 4 mg/kg, 약 5 mg/kg, 약 6 mg/kg, 약 7 mg/kg 또는 약 8 mg/kg의 체중-기준 용량으로 투여된다.
- [0944] 일부 실시양태에서, 단독요법 또는 조합 요법을 위한 항-TIM3 항체는 약 1주, 약 2주, 약 3주, 약 4주, 약 5주 또는 약 6주의 투여 간격으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 요법에 대한 투여 간격은 약 2주이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 요법에 대한 투여 간격은 약 3주이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 요법에 대한 투여 간격은 약 4주이다.
- [0945] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체와의 조합 요법을 위한 항-PD-1 항체는 약 1주, 약 2주, 약 3주, 약 4주, 약 5주 또는 약 6주의 투여 간격으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 요법에 대한 투여 간격은 약 2주이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 요법에 대한 투여 간격은 약 3주이다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 요법에 대한 투여 간격은 약 4주이다.
- [0946] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및/또는 항-PD-1 항체는 약 4주마다, 예를 들어 최대 12 주기 (8-주 주기) 동안 또는 완전 반응 또는 진행성 질환이 확인될 때까지 정맥내 투여를 통해 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 치료 또는 본원에 개시된 임의의 조합 치료는 적어도 약 1개월, 적어도 약 3개월, 적어도 약 6개월, 적어도 약 9개월, 적어도 약 1년, 적어도 약 18개월 또는 적어도 약 24개월 동안 계속된다.
- [0947] 투여 스케줄은 전형적으로 항체의 전형적인 약동학적 특성에 기초하여 지속적인 수용체 점유율 (RO)을 유발하는 노출을 달성하도록 설계된다. 예시적인 치료 요법은 1주에 1회, 2주마다 1회, 3주마다 1회, 4주마다 1회, 1개월 1회, 3-6개월 또는 그 초과마다 1회 투여를 수반한다. 투여량 및 스케줄링은 치료 과정 동안 변경될 수 있다.
- [0948] 항-TIM3 항체와 항-PD-1 항체의 조합 요법을 위해, 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 본원에 개시된 임의의 범위의 균일 용량으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 본원에 개시된 임의의 범위의 균일 용량으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 약 3 mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여되고, 항-PD-1 항체는 약 120



mg의 균일 용량으로 4주의 투여 간격으로 투여된다.

- [0952] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 항-PD-1 항체의 투여 전에 대상체에게 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 항-PD-1 항체의 투여 후에 대상체에게 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체는 개별 조성물로 공동으로 투여된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체는 공동 투여를 위한 단일 조성물로서 혼합된다.
- [0953] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및 제2 항체 (예를 들어, 항-PD1 항체, 항-PD-L1 항체, 항-CTLA-4 항체, 항-LAG-3 항체, 항-GITR 항체)는 고정 비 (또는 용량)를 갖는 단일 조성물로 제제화된다. 예를 들어, 2종의 항체 (예를 들어, 항-TIM3 항체와 항-PD1 항체, 항-PD-L1 항체, 항-LAG-3 항체, 항-GITR 항체 또는 항-CTLA-4 항체와의 조합)의 비는 적어도 약 1:1, 약 1:2, 약 1:3, 약 1:4, 약 1:5, 약 1:6, 약 1:7, 약 1:8, 약 1:9, 약 1:10, 약 1:15, 약 1:20, 약 1:30, 약 1:40, 약 1:50, 약 1:60, 약 1:70, 약 1:80, 약 1:90, 약 1:100, 약 1:120, 약 1:140, 약 1:160, 약 1:180, 약 1:200, 약 200:1, 약 180:1, 약 160:1, 약 140:1, 약 120:1, 약 100:1, 약 90:1, 약 80:1, 약 70:1, 약 60:1, 약 50:1, 약 40:1, 약 30:1, 약 20:1, 약 15:1, 약 10:1, 약 9:1, 약 8:1, 약 7:1, 약 6:1, 약 5:1, 약 4:1, 약 3:1, 또는 약 2:1의 제1 항체 (예를 들어, 항-TIM3 항체) (mg) 대 제2 항체 (mg)이다. 예를 들어, 2:1 비의 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체, 예컨대 니볼루맵은 바이알 또는 주사가 약 480 mg의 항-TIM3 항체 및 240 mg의 항-PD-1 항체, 또는 약 2 mg/ml의 항-TIM3 항체 및 1 mg/ml의 항-PD-1 항체를 함유할 수 있다는 것을 의미할 수 있다. 일부 실시양태에서, 조성물은 항-TIM3 항체 및 항-PD1 항체를 1:1의 비로, 예를 들어 480 mg의 항-TIM3 항체 및 480 mg의 항-PD1 항체 또는 6 mg/kg의 항-TIM3 항체 및 6 mg/kg 항-PD1 항체를 포함한다.
- [0954] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 대략 30분에 걸쳐 주입된다.
- [0955] 일부 실시양태에서, PD-1/PD-L1 경로 억제제는 대략 30분에 걸쳐 주입된다.
- [0956] 일부 실시양태에서, PD-1/PD-L1 경로 억제제는 대략 30분에 걸쳐 주입되고, 이 후에 항-TIM3 항체 주입이 PD-1/PD-L1 경로 억제제의 주입 완료 약 30분 후에 시작되고, 항-TIM3 항체는 대략 30분에 걸쳐 주입된다.
- [0957] II. 본 개시내용에 유용한 항-TIM3 항체
- [0958] 관련 기술분야에 공지되거나 본원에 개시된 임의의 항-TIM3 항체가 본원에 기재된 방법에 사용될 수 있다. PCT/US2017/041946 출원은 본원에 기재된 항체를 개시하며, 이는 그 전문이 본원에 참조로 구체적으로 포함된다. 일부 실시양태에서, 본 개시내용에 유용한 항-TIM3 항체는 하기 특색 중 1개 이상을 갖는다:
- [0959] (1) 예를 들어 비아코어™에 의해 측정 시, 예를 들어 10 nM 이하 (예를 들어, 0.01 nM 내지 10 nM)의  $K_D$ 로 가용성 인간 TIM3에 결합함;
- [0960] (2) 예를 들어 비아코어™에 의해 측정 시, 예를 들어 100 nM 이하 (예를 들어, 0.01 nM 내지 100 nM)의  $K_D$ 로 가용성 시노몰구스 TIM3에 결합함;
- [0961] (3) 예를 들어 유동 세포측정법에 의해 측정 시, 예를 들어 1 ug/mL 이하 (예를 들어, 0.01 ug/mL 내지 1 ug/mL)의  $EC_{50}$ 으로 막 결합된 인간 TIM3에 결합함;
- [0962] (4) 예를 들어 스캐차드 분석에 의해 측정 시, 예를 들어 1nM 이하 (예를 들어, 0.01 nM 내지 10 nM)의  $K_D$ 로 막 결합된 인간 TIM3에 결합함;
- [0963] (5) 예를 들어 유동 세포측정법에 의해 측정 시, 예를 들어 20 ug/mL 이하 (예를 들어, 0.01 ug/mL 내지 20 ug/mL)의  $EC_{50}$ 으로 막 결합된 시노몰구스 TIM3에 결합함;
- [0964] (6) 예를 들어 스캐차드 분석에 의해 측정 시, 예를 들어 1nM 이하 (예를 들어, 0.01 nM 내지 10 nM)의  $K_D$ 로 막 결합된 시노몰구스 TIM3에 결합함;
- [0965] (7) (i) TIM3-발현 T 세포 (예를 들어, Th1 세포 또는 TIL)에서의 증가된 IFN- $\gamma$  생산 및/또는 (ii) TIM3 발현 T 세포 (예를 들어, Th1 세포 또는 TIL)의 증진된 증식에 의해 입증된 바와 같이, T 세포 활성화를 유도하거나 증진시킴 (예를 들어 TIM3의 억제 효과를 차단하거나 감소시킴으로써);
- [0966] (8) 혼합 림프구 반응 (MLR) 검정에서 T 세포 증식을 자극함;

- [0967] (9) 예를 들어 PS-hTIM3 "인-탠덤" 차단 검정에 의해 측정 시, TIM3에 대한 포스파티딜세린의 결합을 억제함;
- [0968] (10) 세포 상의 TIM3에 결합할 때 세포 표면 TIM3을 내재화하거나 하향조절하지 않음;
- [0969] (11) 인간 TIM3 세포의 도메인 (서열식별번호: 290)의 하기 영역 중 하나에 결합함: (a) CPVFECG (서열식별번호: 296); (b) RIQIPGIMND (서열식별번호: 298); (c) CPVFECG 및 RIQIPGIMND (각각 서열식별번호: 296 및 298); 및 (d) WTSRYWLNDFR (서열식별번호: 297);
- [0970] (12) 야생형 인간 TIM3에 대한 결합에 비해 아미노산 L48, C58, P59, V60, F61, E62, C63, G64, W78, S80, R81, W83, L84, G86, D87, R89, D104, R111, Q113, G116, M118 및 D120 (서열식별번호: 286에서 넘버링된 바와 같음) 중 1개 이상이 또 다른 아미노산으로 치환된 인간 TIM3에 대해 감소된 결합을 가짐;
- [0971] (13) 13A3, 3G4, 17C3, 17C8, 9F6, 8B9, 8C4, 14H7, 23B3, TIM3.7, TIM3.8, TIM3.10, TIM3.11, TIM3.12, TIM3.13, TIM3.14, TIM3.15, TIM3.16, TIM3.17, TIM3.18 및 TIM3.25 중 어느 하나의 VH 및 VL 도메인을 포함하는 항체와 인간 TIM3에의 결합에 대해 어느 한 방향으로 또는 양 방향으로 경쟁함;
- [0972] (14) HDX-MS에 의해 결정 시, 인간 TIM3 영역 <sup>49</sup>VPVCWGKGACPVFE<sup>62</sup> (서열식별번호: 367) 및 <sup>111</sup>RIQIPGIMNDEKFNKL<sup>127</sup> (서열식별번호: 368)에 결합함;
- [0973] (15) 중쇄 및/또는 경쇄 가변 영역이 X선 결정학에 의해 결정 시, 인간 TIM3의 하기 아미노산: P50, V51, C52, P59, V60, F61, E62, C63, G64, N65, V66, V67, L68, R69, D71, E72, D74, R111, Q113, G116, I117, M118, D120 및 임의로 T70 및/또는 I112 (서열식별번호: 286에 따른 넘버링) 중 적어도 5, 10, 15, 20개 또는 모두와 상호작용함; 및/또는
- [0974] (16) (a) 야생형 인간 TIM3에 대한 결합에 비해 아미노산 C58, P59, F61, E62, C63, R111, D120 및 임의로 D104 및 Q113 (서열식별번호: 286에 따른 넘버링) 중 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 또는 9개가 또 다른 아미노산으로 치환된 인간 TIM3에 대해 감소된 결합을 가짐; (b) HDX-MS에 의해 결정 시, <sup>49</sup>VPVCWGKGACPVFE<sup>62</sup> (서열식별번호: 367), <sup>111</sup>RIQIPGIMNDEKFNKL<sup>127</sup> (서열식별번호: 368) 및 <sup>119</sup>NDEKFNKL<sup>127</sup> (서열식별번호: 373)에 결합함; 및/또는 (c) 13A3 또는 TIM3.18.IgG1.3의 인간 TIM3에의 결합에 대해 경쟁하거나 또는 그를 교차-차단함.
- [0975] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 조합 처리에 의해 PD-1 및 TIM3을 공동-발현하는 종양 침윤 CD8<sup>+</sup> T 세포를 되살리고, 따라서 CD8<sup>+</sup> T 세포의 고갈을 피한다.
- [0976] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 하기를 포함한다:
- [0977] (a) 각각 서열식별번호: 34 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0978] (b) 각각 서열식별번호: 35 및 61을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0979] (c) 각각 서열식별번호: 36 및 61을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0980] (d) 각각 서열식별번호: 37 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0981] (e) 각각 서열식별번호: 38 및 61을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0982] (f) 각각 서열식별번호: 38 및 62를 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0983] (g) 각각 서열식별번호: 38 및 63을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0984] (h) 각각 서열식별번호: 39 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0985] (i) 각각 서열식별번호: 40 및 61을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0986] (j) 각각 서열식별번호: 121 및 63을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0987] (k) 각각 서열식별번호: 120 및 61을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0988] (l) 각각 서열식별번호: 112 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0989] (m) 각각 서열식별번호: 113 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;



- [0990] (n) 각각 서열식별번호: 114 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0991] (o) 각각 서열식별번호: 115 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0992] (p) 각각 서열식별번호: 116 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0993] (q) 각각 서열식별번호: 117 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0994] (r) 각각 서열식별번호: 118 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0995] (s) 각각 서열식별번호: 119 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0996] (t) 각각 서열식별번호: 364 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0997] (u) 각각 서열식별번호: 410 및 417을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0998] (v) 각각 서열식별번호: 411 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역;
- [0999] (w) 각각 서열식별번호: 411 및 418을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역; 또는
- [1000] (x) 각각 서열식별번호: 412 및 60을 포함하는 중쇄 및 경쇄 가변 영역.
- [1001] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3 및 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3을 포함하며, 여기서
- [1002] (a1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1003] (a2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1004] (a3) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 123 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1005] (a4) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 124 및 53의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1006] (a5) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 126의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1007] (a6) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 127의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1008] (a7) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 128의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1009] (a8) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 46 및 129의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1010] (a9) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 128의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1011] (a10) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 41, 122 및 126의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1012] (b1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 42, 47 및 54의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1013] (b2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 42, 125 및 54의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1014] (c) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 43, 48 및 55의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1015] (d) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 44, 49 및 56의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;

- [1016] (e1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1017] (e2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 71의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1018] (e3) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 50 및 57의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 65, 67 및 70의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1019] (f) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 51 및 58의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1020] (g) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 52 및 59의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1021] (h) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 413 및 414의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 69의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1022] (i1) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 415 및 416의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 68의 아미노산 서열을 포함하거나;
- [1023] (i2) 중쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 45, 415 및 416의 아미노산 서열을 포함하고, 경쇄 CDR1, CDR2 및 CDR3은 각각 서열식별번호: 64, 66 및 419의 아미노산 서열을 포함한다.
- [1024] 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 하기를 포함한다:
- [1025] (a1) 각각 서열식별번호: 301 (또는 302) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1026] (a2) 각각 서열식별번호: 1 (또는 8) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1027] (a3) 각각 서열식별번호: 15 (또는 22) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1028] (a4) 각각 서열식별번호: 303 (또는 304) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1029] (a5) 각각 서열식별번호: 72 (또는 82) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1030] (a6) 각각 서열식별번호: 92 (또는 102) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1031] (a7) 각각 서열식별번호: 305 (또는 306) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1032] (a8) 각각 서열식별번호: 73 (또는 83) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1033] (a9) 각각 서열식별번호: 93 (또는 103) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1034] (a10) 각각 서열식별번호: 307 (또는 308) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1035] (a11) 각각 서열식별번호: 74 (또는 84) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1036] (a12) 각각 서열식별번호: 94 (또는 104) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1037] (a13) 각각 서열식별번호: 309 (또는 310) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1038] (a14) 각각 서열식별번호: 75 (또는 85) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1039] (a15) 각각 서열식별번호: 95 (또는 105) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1040] (a16) 각각 서열식별번호: 311 (or312) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1041] (a17) 각각 서열식별번호: 76 (또는 86) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1042] (a18) 각각 서열식별번호: 96 (또는 106) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1043] (a19) 각각 서열식별번호: 313 (또는 314) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1044] (a20) 각각 서열식별번호: 77 (또는 87) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1045] (a21) 각각 서열식별번호: 97 (또는 107) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;

- [1046] (a22) 각각 서열식별번호: 315 (또는 316) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1047] (a23) 각각 서열식별번호: 78 (또는 88) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1048] (a24) 각각 서열식별번호: 98 (또는 108) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1049] (a25) 각각 서열식별번호: 317 (또는 318) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1050] (a26) 각각 서열식별번호: 79 (또는 89) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1051] (a27) 각각 서열식별번호: 99 (또는 109) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1052] (a28) 각각 서열식별번호: 319 (또는 320) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1053] (a29) 각각 서열식별번호: 349 (또는 350) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1054] (a30) 각각 서열식별번호: 351 (또는 352) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1055] (a31) 각각 서열식별번호: 353 (또는 354) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1056] (b1) 각각 서열식별번호: 321 (또는 322) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1057] (b2) 각각 서열식별번호: 2 (또는 9) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1058] (b3) 각각 서열식별번호: 16 (또는 23) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1059] (b4) 각각 서열식별번호: 323 (또는 324) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1060] (b5) 각각 서열식별번호: 80 (또는 90) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1061] (b6) 각각 서열식별번호: 100 (또는 110) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1062] (b7) 각각 서열식별번호: 325 (또는 326) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1063] (c1) 각각 서열식별번호: 327 (또는 328) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1064] (c2) 각각 서열식별번호: 3 (또는 10) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1065] (c3) 각각 서열식별번호: 17 (또는 24) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1066] (c4) 각각 서열식별번호: 329 (또는 330) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1067] (d1) 각각 서열식별번호: 331 (또는 332) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1068] (d2) 각각 서열식별번호: 4 (또는 11) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1069] (d3) 각각 서열식별번호: 18 (또는 25) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1070] (d4) 각각 서열식별번호: 333 (또는 334) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1071] (e1.1) 각각 서열식별번호: 335 (또는 336) 및 32의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1072] (e1.2) 각각 서열식별번호: 335 (또는 336) 및 33의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1073] (e1.3) 각각 서열식별번호: 335 (또는 336) 및 31의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1074] (e2) 각각 서열식별번호: 5 (또는 12) 및 33의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1075] (e3) 각각 서열식별번호: 19 (또는 26) 및 33의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1076] (e4) 각각 서열식별번호: 337 (또는 338) 및 33의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1077] (e5) 각각 서열식별번호: 81 (또는 91) 및 33의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1078] (e6) 각각 서열식별번호: 101 (또는 111) 및 33의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1079] (e7) 각각 서열식별번호: 339 (또는 340) 및 33의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1080] (f1) 각각 서열식별번호: 341 (또는 342) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1081] (f2) 각각 서열식별번호: 6 (또는 13) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;

- [1082] (f3) 각각 서열식별번호: 20 (또는 27) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1083] (f4) 각각 서열식별번호: 343 (또는 344) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1084] (g1) 각각 서열식별번호: 345 (또는 346) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1085] (g2) 각각 서열식별번호: 7 (또는 14) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1086] (g3) 각각 서열식별번호: 21 (또는 28) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1087] (g4) 각각 서열식별번호: 347 (또는 348) 및 30의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1088] (h1) 각각 서열식별번호: 386 (또는 387) 및 408의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1089] (h2) 각각 서열식별번호: 388 (또는 389) 및 408의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1090] (h3) 각각 서열식별번호: 390 (또는 391) 및 408의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1091] (h4) 각각 서열식별번호: 392 (또는 393) 및 408의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1092] (i1.1) 각각 서열식별번호: 394 (또는 395) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1093] (i1.2) 각각 서열식별번호: 394 (또는 395) 및 418의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1094] (i2) 각각 서열식별번호: 396 (또는 397) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1095] (i3) 각각 서열식별번호: 398 (또는 399) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1096] (i4) 각각 서열식별번호: 400 (또는 401) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1097] (i5) 각각 서열식별번호: 402 (또는 403) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열;
- [1098] (i6) 각각 서열식별번호: 404 (또는 405) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열; 또는
- [1099] (i7) 각각 서열식별번호: 406 (또는 407) 및 29의 아미노산 서열을 포함하는 중쇄 및 경쇄 서열.
- [1100] 본 개시내용과 함께 사용될 수 있는 다른 항-TIM3 항체는, 예를 들어 PCT 공개 번호 WO 2003/063792, WO 2010/117057, WO 2011/155607, WO 2011/159877, WO 2013/006490, WO 2015/117002, WO 2016/071448, WO 2016/068802, WO 2016/068803, WO 2016/144803, WO 2016/111947, WO 2017/019897, WO 2017/079112, WO 2017/079115, WO 2017/079116, 및 WO 2017/055404에 기재되었으며, 이들 각각은 그 전문이 참조로 포함된다.
- [1101] 개시된 방법에 사용가능한 항-TIM3 항체는 또한 인간 TIM3에 특이적으로 결합하고, 본원 (예를 들어, 표 2)에 개시된 임의의 항-TIM3 항체와 인간 TIM3에의 결합에 대해 교차-경쟁하는 단리된 항체를 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 본원 (예를 들어, 표 2)에 개시된 임의의 항-TIM3 항체와 동일한 에피토프에 결합한다. 항체가 항원에의 결합에 대해 교차-경쟁하는 능력은 이들 모노클로날 항체가 항원의 동일한 에피토프 영역에 결합하고 그러한 특정한 에피토프 영역에 대한 다른 교차-경쟁 항체의 결합을 입체적으로 방해한다는 것을 나타낸다. 이들 교차-경쟁 항체는 인간 TIM3의 동일한 에피토프 영역에 대한 그의 결합에 있어서 참조 항체, 예를 들어 니블루맙과 매우 유사한 기능적 특성을 갖는 것으로 예상된다. 교차-경쟁 항체는 표준 결합 검정, 예컨대 비아코어 분석, ELISA 검정 또는 유동 세포측정법에서 본원에 개시된 임의의 항-TIM3 항체와 교차-경쟁하는 그의 능력에 기초하여 용이하게 확인될 수 있다 (예를 들어, WO 2013/173223 참조).
- [1102] 일부 실시양태에서, 인간 TIM3에의 결합에 대해 본원에 기재된 임의의 항-TIM3 항체와 교차-경쟁하거나 또는 그러한 인간 TIM3 항체와 동일한 에피토프 영역에 결합하는 항체는 모노클로날 항체이다. 인간 대상체에 대한 투여의 경우, 이들 교차-경쟁 항체는 키메라 항체, 조각된 항체, 또는 인간화 또는 인간 항체이다. 이러한 키메라, 조각된, 인간화 또는 인간 모노클로날 항체는 관련 기술분야에 널리 공지된 방법에 의해 제조 및 단리될 수 있다.
- [1103] 본 개시내용의 방법에 사용가능한 항-TIM3 항체는 또한 상기 항체의 항원-결합 부분을 포함한다. 항체의 항원-결합 기능이 전장 항체의 단편에 의해 수행될 수 있다는 것은 충분히 입증되었다.
- [1104] 개시된 방법 또는 조성물에서 사용하기에 적합한 항-TIM3 항체는, 인간 TIM3에 높은 특이성 및 친화도로 결합하고, TIM3의 결합을 차단하고, TIM3 신호전달 경로의 면역억제 효과를 억제하는 항체이다. 본원에 개시된 조성물 또는 방법 중 임의의 것에서, 항-TIM3 "항체"는, TIM3에 결합하며, 수용체 결합을 억제하고 면역계를 상향-



조절하는데 있어서 전체 항체와 유사한 기능적 특성을 나타내는 항원-결합 부분 또는 단편을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 또는 그의 항원-결합 부분은 인간 TIM3에의 결합에 대해 임의의 상기 기재된 항-TIM3 항체와 교차-경쟁한다.

[1105] III. 본 개시내용에 유용한 항-PD-1 항체

[1106] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 치료를 필요로 하는 대상체 (예를 들어, 종양을 앓고 있는 대상체)에게 항-TIM3 항체 및 PD-1 신호전달 경로의 억제제를 둘 다 투여하는 것을 포함한다. 일부 실시양태에서, PD-1 신호전달 경로의 억제제는 항-PD-1 항체이다.

[1107] 관련 기술분야에 공지된 임의의 항-PD-1 항체가 본원에 기재된 방법에 사용될 수 있다. 특히, 고친화도로 PD-1에 특이적으로 결합하는 다양한 인간 모노클로날 항체가 미국 특허 번호 8,008,449에 개시되었다. 미국 특허 번호 8,008,449에 개시된 각각의 항-PD-1 인간화 항체는 하기 특징 중 1개 이상을 나타내는 것으로 입증되었다: (a) 비아코어 바이오센서 시스템을 사용하여 표면 플라즈몬 공명에 의해 결정 시,  $1 \times 10^{-7}$  M 이하의  $K_D$ 로 인간 PD-1에 결합함; (b) 인간 CD28, CTLA-4 또는 ICOS에 실질적으로 결합하지 않음; (c) 혼합 림프구 반응 (MLR) 검정에서 T-세포 증식을 증가시킴; (d) MLR 검정에서 인터페론- $\gamma$  생산을 증가시킴; (e) MLR 검정에서 IL-2 분비를 증가시킴; (f) 인간 PD-1 및 시노몰구스 원숭이 PD-1에 결합함; (g) PD-L1 및/또는 PD-L2의 PD-1에 대한 결합을 억제함; (h) 항원-특이적 기억 반응을 자극함; (i) 항체 반응을 자극함; 및 (j) 생체내 종양 세포 성장을 억제함. 본 개시내용에 사용가능한 항-PD-1 항체는, 인간 PD-1에 특이적으로 결합하고 상기 특징 중 적어도 1개, 일부 실시양태에서, 적어도 5개를 나타내는 모노클로날 항체를 포함한다.

[1108] 다른 항-PD-1 모노클로날 항체는, 예를 들어 미국 특허 번호 6,808,710, 7,488,802, 8,168,757 및 8,354,509, 미국 공개 번호 2016/0272708, 및 PCT 공개 번호 WO 2012/145493, WO 2008/156712, WO 2015/112900, WO 2012/145493, WO 2015/112800, WO 2014/206107, WO 2015/35606, WO 2015/085847, WO 2014/179664, WO 2017/020291, WO 2017/020858, WO 2016/197367에서, WO 2017/024515, WO 2017/025051, WO 2017/123557, WO 2016/106159, WO 2014/194302, WO 2017/040790, WO 2017/133540, WO 2017/132827, WO 2017/024465, WO 2017/025016, WO 2017/106061에 기재되었으며, 이들 각각은 그 전문이 참조로 포함된다.

[1109] 일부 실시양태에서, 본 개시내용에 유용한 항-PD-1 항체는 니볼루맵 (또한 "옵디보(OPDIVO)®"로 공지됨; 이전 명칭 5C4, BMS-936558, MDX-1106 또는 ONO-4538), 펌브롤리주맵 (머크(Merck), 또한 "키트루다(KEYTRUDA)®", 람브롤리주맵 및 MK-3475로 공지됨. WO 2008/156712 참조), PDR001 (노파르티스(Novartis); WO 2015/112900 참조), MEDI-0680 (아스트라제네카(AstraZeneca); AMP-514; WO 2012/145493 참조), REGN-2810 (레게네론(Regeneron); WO 2015/112800 참조), JS001 (타이저우 준시 파마(Taizhou Junshi Pharma); 문헌 [Si-Yang Liu et al., J. Hematol. Oncol. 10:136 (2017)] 참조), BGB-A317 (베이진(Beigene); WO 2015/35606 및 US 2015/0079109 참조), INCSHR1210 (SHR-1210; 지양수 행루이 메디신(Jiangsu Hengrui Medicine); WO 2015/085847; 문헌 [Si-Yang Liu et al., J. Hematol. Oncol. 10:136 (2017)] 참조), TSR-042 (ANB011; 테사로 바이오파마슈티칼(Tesaro Biopharmaceutical); WO2014/179664 참조), GLS-010 (WBP3055; 우시/하얼빈 글로리아 파마슈티칼스(Wuxi/Harbin Gloria Pharmaceuticals); 문헌 [Si-Yang Liu et al., J. Hematol. Oncol. 10:136 (2017)] 참조), AM-0001 (아르모(Armo)), STI-1110 (소렌토 테라퓨틱스(Sorrento Therapeutics); WO 2014/194302 참조), AGEN2034 (아제누스(Agenus); WO 2017/040790 참조), 및 MGD013 (마크로제닉스(Macrogenics))으로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1110] 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 니볼루맵이다. 니볼루맵은 PD-1 리간드 (PD-L1 및 PD-L2)와의 상호작용을 선택적으로 방지하여 항종양 T-세포 기능의 하향-조절을 차단하는 완전 인간 IgG4 (S228P) PD-1 면역 체크포인트 억제제 항체이다 (미국 특허 번호 8,008,449; 문헌 [Wang et al., 2014 Cancer Immunol Res. 2(9):846-56]).

[1111] 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 펌브롤리주맵이다. 펌브롤리주맵은 인간 세포 표면 수용체 PD-1 (프로그램화된 사멸-1 또는 프로그램화된 세포 사멸-1)에 대해 지시된 인간화 모노클로날 IgG4 항체이다. 펌브롤리주맵은, 예를 들어 미국 특허 번호 8,354,509 및 8,900,587에 기재되어 있고; 또한 [worldwideweb.cancer.gov/drugdictionary?cdrid=695789](http://worldwideweb.cancer.gov/drugdictionary?cdrid=695789) (마지막 접근: 2014년 12월 14일)를 참조한다. 펌브롤리주맵은 재발성 또는 불응성 흑색종, 비소세포 폐 암종 (NSCLC) 및 두경부 편평 세포 암종 (HNSCC)의 치료를 위한 것으로 FDA에 의해 승인되었다.

[1112] 개시된 방법에 사용가능한 항-PD-1 항체는 또한 인간 PD-1에 특이적으로 결합하고 인간 PD-1에의 결합에 대해



본원에 개시된 임의의 항-PD-1 항체, 예를 들어 니볼루맵과 교차-경쟁하는 단리된 항체를 포함한다 (예를 들어, 미국 특허 번호 8,008,449 및 8,779,105; WO 2013/173223 참조). 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체는 본원에 기재된 임의의 항-PD-1 항체, 예를 들어 니볼루맵과 동일한 에피토프에 결합한다. 항체가 항원의 결합에 대해 교차-경쟁하는 능력은 이들 모노클로날 항체가 항원의 동일한 에피토프 영역에 결합하고 그러한 특정한 에피토프 영역에 대한 다른 교차-경쟁 항체의 결합을 입체적으로 방해한다는 것을 나타낸다. 이들 교차-경쟁 항체는 PD-1의 동일한 에피토프 영역에 대한 그의 결합에 있어서 참조 항체, 예를 들어 니볼루맵과 매우 유사한 기능적 특성을 갖는 것으로 예상된다. 교차-경쟁 항체는 표준 PD-1 결합 검정, 예컨대 비아코어 분석, ELISA 검정 또는 유동 세포측정법에서 니볼루맵과 교차-경쟁하는 그의 능력에 기초하여 용이하게 확인될 수 있다 (예를 들어, WO 2013/173223 참조).

[1113] 일부 실시양태에서, 인간 PD-1에의 결합에 대해 인간 PD-1 항체, 니볼루맵과 교차-경쟁하거나, 또는 그와 동일한 에피토프 영역에 결합하는 항체는 모노클로날 항체이다. 인간 대상체에 대한 투여의 경우, 이들 교차-경쟁 항체는 키메라 항체, 조작된 항체, 또는 인간화 또는 인간 항체이다. 이러한 키메라, 조작된, 인간화 또는 인간 모노클로날 항체는 관련 기술분야에 널리 공지된 방법에 의해 제조 및 단리될 수 있다.

[1114] 개시된 개시내용의 방법에 사용가능한 항-PD-1 항체는 또한 상기 항체의 항원-결합 부분을 포함한다. 항체의 항원-결합 기능이 전장 항체의 단편에 의해 수행될 수 있다는 것은 충분히 입증되었다.

[1115] 개시된 방법 또는 조성물에서 사용하기에 적합한 항-PD-1 항체는, PD-1에 높은 특이성 및 친화도로 결합하고, PD-L1 및/또는 PD-L2의 결합을 차단하고, PD-1 신호전달 경로의 면역억제 효과를 억제하는 항체이다. 본원에 개시된 조성물 또는 방법 중 임의의 것에서, 항-PD-1 "항체"는, PD-1 수용체에 결합하며, 리간드 결합을 억제하고 면역계를 상향-조절하는데 있어서 전체 항체와 유사한 기능적 특성을 나타내는 항원-결합 부분 또는 단편을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-PD-1 항체 또는 그의 항원-결합 부분은 인간 PD-1에의 결합에 대해 니볼루맵과 교차-경쟁한다.

[1116] IV. 본 개시내용에 유용한 항-PD-L1 항체

[1117] 일부 실시양태에서, 본원의 방법에 따라 사용되는 항-PD-1 항체는 PD-1 신호전달 경로의 또 다른 억제제, 예를 들어 항-PD-L1 항체로 대체될 수 있다. 임의의 항-PD-L1 항체가 본 개시내용의 방법에 사용될 수 있다. 본 개시내용의 방법에 유용한 항-PD-L1 항체의 예는 미국 특허 번호 9,850,507에 개시된 항체를 포함한다. 미국 특허 번호 9,580,507에 개시된 각각의 항-PD-L1 인간 모노클로날 항체는 하기 특징 중 1개 이상을 나타내는 것으로 입증되었다: (a) 비아코어 바이오센서 시스템을 사용하여 표면 플라즈몬 공명에 의해 결정 시,  $1 \times 10^{-7}$  M 이하의  $K_D$ 로 인간 PD-L1에 결합함; (b) 혼합 림프구 반응 (MLR) 검정에서 T-세포 증식을 증가시킴; (c) MLR 검정에서 인터페론- $\gamma$  생산을 증가시킴; (d) MLR 검정에서 IL-2 분비를 증가시킴; (e) 항체 반응을 자극함; 및 (f) T 세포 이펙터 세포 및/또는 수지상 세포에 대한 T 조절 세포의 효과를 역전시킴. 본 개시내용에 사용가능한 항-PD-L1 항체는, 인간 PD-L1에 특이적으로 결합하고 상기 특징 중 적어도 1개, 일부 실시양태에서, 적어도 5개를 나타내는 모노클로날 항체를 포함한다.

[1118] 일부 실시양태에서, 항-PD-L1 항체는 BMS-936559 (이전에 12A4 또는 MDX-1105; 예를 들어, 미국 특허 번호 7,943,743 및 WO 2013/173223 참조), MPDL3280A (또한 RG7446, 아테졸리주맵 및 테센트릭(TECENTRIQ)®으로 공지됨; 미국 특허 번호 8,217,149; 또한, 문헌 [Herbst et al., (2013) J Clin Oncol 31(suppl):3000] 참조), 두르발루맵 (임핀지(IMFINZI)®; MEDI-4736; 아스트라제네카; WO 2011/066389 참조), 아벨루맵 (화이자(Pfizer); MSB-0010718C; 바벤시오(BAVENCIO)®; WO 2013/079174 참조), STI-1014 (소렌토; WO2013/181634 참조), CX-072 (시토크스(Cytomx); WO2016/149201 참조), KN035 (3D 메드/알파맵(3D Med/Alphamab); 문헌 [Zhang et al., Cell Discov. 7:3 (March 2017)] 참조), LY3300054 (일라이 릴리 캄파니(Eli Lilly Co.); 예를 들어, WO 2017/034916 참조), 및 CK-301 (체크포인트 테라퓨틱스(Checkpoint Therapeutics); 문헌 [Gorelik et al., AACR:Abstract 4606 (Apr 2016)] 참조)로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1119] 일부 실시양태에서, 항-PD-L1 모노클로날 항체는 28-8, 28-1, 28-12, 29-8, 5H1 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된다.

[1120] 개시된 방법에 사용가능한 항-PD-L1 항체는 또한 인간 PD-L1에 특이적으로 결합하고 인간 PD-L1에의 결합에 대해 본원에 개시된 임의의 항-PD-L1 항체, 예를 들어 아테졸리주맵 및/또는 아벨루맵과 교차-경쟁하는 단리된 항체를 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-PD-L1 항체는 본원에 기재된 임의의 항-PD-L1 항체, 예를 들어 아테졸리주맵 및/또는 아벨루맵과 동일한 에피토프에 결합한다. 항체가 항원의 결합에 대해 교차-경쟁하는 능력은

이들 항체가 항원의 동일한 에피토프 영역에 결합하고 그러한 특정한 에피토프 영역에 대한 다른 교차-경쟁 항체의 결합을 입체적으로 방해한다는 것을 나타낸다. 이들 교차-경쟁 항체는 PD-L1의 동일한 에피토프 영역에 대한 그의 결합에 있어서 참조 항체, 예를 들어 아테졸리주맙 및/또는 아벨루맙과 매우 유사한 기능적 특성을 갖는 것으로 예상된다. 교차-경쟁 항체는 표준 PD-L1 결합 검정, 예컨대 비아코어 분석, ELISA 검정 또는 유동 세포측정법에서 아테졸리주맙 및/또는 아벨루맙과 교차-경쟁하는 그의 능력에 기초하여 용이하게 확인될 수 있다 (예를 들어, WO 2013/173223 참조).

- [1121] 일부 실시양태에서, 인간 PD-L1에의 결합에 대해 인간 PD-L1 항체인 아테졸리주맙 및/또는 아벨루맙과 교차-경쟁하거나 또는 그와 동일한 에피토프 영역에 결합하는 항체는 모노클로날 항체이다. 인간 대상체에 대한 투여의 경우, 이들 교차-경쟁 항체는 키메라 항체, 조작된 항체, 또는 인간화 또는 인간 항체이다. 이러한 키메라, 조작된, 인간화 또는 인간 모노클로날 항체는 관련 기술분야에 널리 공지된 방법에 의해 제조 및 단리될 수 있다.
- [1122] 개시된 개시내용의 방법에 사용가능한 항-PD-L1 항체는 또한 상기 항체의 항원-결합 부분을 포함한다. 항체의 항원-결합 기능이 전장 항체의 단편에 의해 수행될 수 있다는 것은 충분히 입증되었다.
- [1123] 개시된 방법 또는 조성물에서 사용하기에 적합한 항-PD-L1 항체는, PD-L1에 높은 특이성 및 친화도로 결합하고, PD-1의 결합을 차단하고, PD-1 신호전달 경로의 면역억제 효과를 억제하는 항체이다. 본원에 개시된 조성물 또는 방법 중 임의의 것에서, 항-PD-L1 "항체"는, PD-L1에 결합하며, 수용체 결합을 억제하고 면역계를 상향-조절하는데 있어서 전체 항체와 유사한 기능적 특성을 나타내는 항원-결합 부분 또는 단편을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-PD-L1 항체 또는 그의 항원-결합 부분은 인간 PD-L1에의 결합에 대해 아테졸리주맙 및/또는 아벨루맙과 교차-경쟁한다.
- [1124] V. 본 개시내용에 유용한 항-CTLA-4 항체
- [1125] 일부 실시양태에서, 본 개시내용은 항-TIM3 항체를 세포독성 T-림프구-연관 단백질 4 (CTLA-4) 신호전달 경로의 억제제와 조합하여 투여하는 것을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체는 CTLA-4 신호전달 경로의 억제제 및 PD-1 신호전달 경로의 억제제 (예를 들어, 항-PD-1 항체 및/또는 항-PD-L1 항체) 둘 다와 조합되어 투여된다. 일부 실시양태에서, CTLA-4 신호전달 경로의 억제제는 항-CTLA-4 항체이다.
- [1126] CTLA-4와 인간 B7 수용체의 상호작용을 파괴하기 위해 인간 CTLA-4에 특이적으로 결합하는 항-CTLA-4 항체가 본 개시내용에 사용될 수 있다. CTLA-4와 B7의 상호작용은 CTLA-4 수용체를 보유하는 T-세포의 불활성화를 일으키는 신호를 전달하기 때문에, 상호작용의 파괴는 이러한 T 세포의 활성화를 효과적으로 유도, 증진 또는 연장시킴으로써, 면역 반응을 유도, 증진 또는 연장시킨다.
- [1127] 고친화도로 CTLA-4에 특이적으로 결합하는 인간 항체 (HuMAb)는 미국 특허 번호 6,984,720 및 7,605,238에 개시되었다. 다른 항-CTLA-4 mAb는, 예를 들어 미국 특허 번호 5,977,318, 6,051,227, 6,682,736 및 7,034,121에 기재되었다. 미국 특허 번호 6,984,720 및 7,605,238에 개시된 항-CTLA-4 HuMAb는 하기 특징 중 1개 이상을 나타내는 것으로 입증되었다: (a) 비아코어 분석에 의해 결정 시, 적어도 약  $10^7 \text{ M}^{-1}$ , 또는 약  $10^9 \text{ M}^{-1}$ , 또는 약  $10^{10} \text{ M}^{-1}$  내지  $10^{11} \text{ M}^{-1}$  또는 그 초과에 해당하는 평형 회합 상수 ( $K_a$ )에 의해 반영되는 결합 친화도로 인간 CTLA-4에 특이적으로 결합함; (b) 적어도 약  $10^3$ , 약  $10^4$ , 또는 약  $10^5 \text{ m}^{-1} \text{ s}^{-1}$ 의 동역학적 회합 상수 ( $k_a$ ); (c) 적어도 약  $10^3$ , 약  $10^4$ , 또는 약  $10^5 \text{ m}^{-1} \text{ s}^{-1}$ 의 동역학적 해리 상수 ( $k_d$ ); 및 (d) CTLA-4의 B7-1 (CD80) 및 B7-2 (CD86)에 대한 결합을 억제함. 본 발명에 사용가능한 항-CTLA-4 항체는, 인간 CTLA-4에 특이적으로 결합하고 상기 특징 중 적어도 1개, 적어도 2개 또는 적어도 3개를 나타내는 mAb를 포함한다.
- [1128] 예시적인 임상 항-CTLA-4 항체는 미국 특허 번호 6,984,720에 개시된 바와 같은 인간 mAb 10D1 (현재 이필리무맙으로서 공지되어 있고 예르보이(YERVOY)®로 시판됨)이다. 일부 실시양태에서, 이필리무맙은 본원에 개시된 방법에 사용하기 위한 항-CTLA-4 항체이다. 이필리무맙은 CTLA-4의 그의 B7 리간드와의 결합을 차단함으로써 T 세포 활성화를 자극하고 진행성 흑색종을 갖는 환자의 전체 생존 (OS)을 개선시키는 완전 인간 IgG1 모노클로날 항체이다.
- [1129] 본 방법에 사용될 수 있는 또 다른 항-CTLA-4 항체는 트레멜리무맙 (또한 CP-675,206으로 공지됨)이다. 트레멜리무맙은 인간 IgG2 모노클로날 항-CTLA-4 항체이다. 트레멜리무맙은 WO/2012/122444, 미국 공개 번호

2012/263677 및 WO 공개번호 2007/113648 A2에 기재되어 있다.

- [1130] 개시된 방법에 사용될 수 있는 항-CTLA-4 항체는 또한 인간 CTLA-4에 특이적으로 결합하고 인간 CTLA-4에의 결합에 대해 이필리무맙 또는 트레멜리무맙과 교차-경쟁하거나 또는 이필리무맙 또는 트레멜리무맙과 인간 CTLA-4의 동일한 에피토프 영역에 결합하는 단리된 항체를 포함한다. 일부 실시양태에서, 인간 CTLA-4에의 결합에 대해 이필리무맙 또는 트레멜리무맙과 교차-경쟁하거나, 또는 그와 인간 CTLA-4의 동일한 에피토프 영역에 결합하는 항체는 인간 IgG1 이소형의 중쇄를 포함하는 항체이다. 인간 대상체에 대한 투여를 위해, 이들 교차-경쟁 항체는 키메라 항체일 수 있거나, 또는 인간화 또는 인간 항체일 수 있다. 사용가능한 항-CTLA-4 항체는 또한 상기 항체의 항원-결합 부분, 예컨대 Fab, F(ab')<sub>2</sub>, Fd 또는 Fv 단편을 포함한다.
- [1131] VI. 표준 관리 요법
- [1132] 본 개시내용은 또한 치료를 필요로 하는 대상체에게 항-TIM3 항체를 본원에 개시된 암 중 1종 이상을 위한 표준 관리 요법과 조합하여 또는 그 후에 투여하는 것을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및 표준 관리 요법은 추가의 면역요법제 항체 (예를 들어, 항-PD-1 항체 및/또는 항-PD-L1 항체)와 함께 투여된다.
- [1133] 일부 실시양태에서, 표준 관리 요법은 항-TIM3 항체의 투여 전, 그 동안 또는 그 후 임의의 시점에 대상체에 대해 수행될 수 있다. 상이한 유형의 암에 대한 표준 관리 요법은 관련 기술분야의 통상의 기술자에게 널리 공지되어 있다. 예를 들어, 미국 내 21개 주요 암 센터의 동맹인 국립 종합 암 네트워크 (NCCN)는 폭넓게 다양한 암에 대한 표준 관리 치료에 관한 상세한 최신 정보를 제공하는 NCCN 종양학 임상 관리기준 가이드라인 (NCCN GUIDELINES®)을 공표하였다 (2018년 1월 2일에 마지막 접근된 [worldwideweb.nccn.org/professionals/physician\\_gls/f\\_guidelines.asp](http://worldwideweb.nccn.org/professionals/physician_gls/f_guidelines.asp)에서 이용가능한 NCCN GUIDELINES® (2014) 참조). 다양한 암을 위한 표준 관리 요법의 비제한적 예가 하기에 제공된다.
- [1134] 일부 실시양태에서, 표준 관리 요법은 수술, 방사선 요법 (RT) (즉, 암 세포를 파괴하기 위한 고에너지 X선의 사용), 화학요법, 표적화 요법 (즉, 종양의 성장, 진행 및/또는 확산에 관여하는 특정 분자를 방해하는 약물 또는 다른 물질의 사용), 또는 그의 임의의 조합을 포함한다. 일부 실시양태에서, 수술은 외과적 절제 (즉, 종양 및 건강한 조직 주위 일부의 물리적 제거)를 포함한다. 일부 실시양태에서, 방사선 요법은 외부-빔 방사선 요법 (예를 들어, 정위 방사선 요법), 수술중 방사선 요법, 근접요법, 또는 그의 임의의 조합을 포함한다. 일부 실시양태에서, 방사선 요법은 수술 전에 투여되거나 (예를 들어, 신보조 요법) 또는 임의의 남아있는 암 세포를 파괴하기 위해 수술 후에 투여된다.
- [1135] 일부 실시양태에서, 화학요법은 백금 작용제 (예를 들어, 시스플라틴 (플라티놀(PLATINOL®)), 카르보플라틴 (파라플라틴(PARAPLATIN®)), 탁산 작용제 (예를 들어, 파클리탁셀 (탁솔(TAXOL®)), 알부민-결합된 파클리탁셀, 도세탁셀 (탁소테레(TAXOTERE®)), 비노렐빈 (나벨빈(NAVELBINE®)), 빈블라스틴 (벨반(VELBAN®)), 에토포시드 (토포사르(TOPOSAR®), 에포신(EPOSIN®), 에토포포스(ETOPOPHOS®), 베페시드(VEPESID®), 페메트렉세드 (알림타(ALIMTA®) 또는 겐시타빈 (겐자르(GEMZAR®))를 포함한다. 일부 실시양태에서, TNBC를 위한 표준 관리 요법은 안트라시클린 또는 안트라시클린/탁산-기재 화학요법 (예를 들어, 독소루비신 (아드리아마이신(ADRIAMYCIN®), 독실(DOXIL®), 리포독스(LIPODOX®) 및 시클로포스파미드 (시톡산(CYTOXAN®))를 포함한다. 일부 실시양태에서, 화학요법은 카페시타빈 (젤로다(XELODA®), 플루오로우라실 (5-FU, 아드루실(ADRUCIL®), 이리노테칸 (캄프토사르(CAMPTOSAR®), 옥살리플라틴 (엘록사틴(ELOXATIN®), 트리플루리딘/티피라실 (TAS-102, 론서프(LONSURF®), 또는 그의 임의의 조합을 포함한다. 상기 화학요법 약물을 포함하는 통상의 치료 요법은 다음을 포함한다: 5-FU 단독; 5-FU의 유효성을 개선시키는 비타민인 류코보린 (웰코보린(WELLCOVORIN®)과 병용되는 5-FU; 카페시타빈 (5-FU의 경구 형태); 폴폭스(FOLFOX) (류코보린 및 옥살리플라틴과 병용되는 5-FU); 폴피리(FOLFIRI) (류코보린 및 이리노테칸과 병용되는 5-FU); 이리노테칸 단독; 셀리리(XELIRI)/카피리(CAPIRI) (이리노테칸과 병용되는 카페시타빈); 및 셀록스(XELOX)/카페옥스(CAPEOX) (옥살리플라틴과 병용되는 카페시타빈).
- [1136] 일부 실시양태에서, 표적화된 요법은 항혈관신생제 (예를 들어, 소라페닙 (넥사바르(NEXAVAR®), 수니티닙 (수텐트(SUTENT®), 파조파닙 (보트리엔트(VOTRIENT®), 악시티닙 (인리타(INLYTA®), 및 티보자닙 또는 포유동물 라파마이신 표적 (mTOR) 억제제 (예를 들어, 에베롤리무스 (아피니토르(AFINITOR®) 및 템시롤리무스 (토리셀(TORISEL®))를 포함한다. 일부 실시양태에서, 표적화된 요법은 베바시주맙 (아바스틴(AVASTIN®), 예를 로티닙 (타르세바(TARCEVA®), 크리조티닙 (잘코리(XALKORI®), 또는 세톡시맙 (에르비투스(ERBITUX®)을 포함한다.

[1137] V. 압

[1138] 항-TIM3 항체에 의한 TIM3의 억제에 암을 갖는 환자에서 암성 세포에 대한 면역 반응을 증진시킬 수 있다. 종양을 앓고 있는 대상체에게 본원에 기재된 항-TIM3 항체를 투여하여 대상체를 치료하도록 하는, 예를 들어 암성 종양의 성장이 억제 또는 감소되고/거나 종양이 퇴행하고/거나 연장된 생존이 달성되도록 하는 것을 포함하는, 상기 대상체를 치료하는 방법이 본원에 제공된다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체를 단독으로 사용하여 암성 종양의 성장을 억제할 수 있다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체를 또 다른 작용제, 예를 들어 PD-1 신호전달 경로의 억제제 (예를 들어, 항-PD-1 항체 및/또는 항-PD-L1 항체)와 함께 사용할 수 있다.

[1139] 본 개시내용의 방법을 사용하여 성장이 억제될 수 있는 종양은 전형적으로 면역요법에 대해 반응성인 종양 및 전형적으로 면역요법에 대해 반응성이 아닌 종양을 포함한다. 치료될 수 있는 종양은 또한 TIM3 양성 종양을 포함한다. 일부 실시양태에서, 종양은 또한 PD-L1 및/또는 PD-L2 발현에 대해 양성이다. 일부 실시양태에서, 종양은 편평 세포 암종, 소세포 폐암, 비소세포 폐암, 편평 비소세포 폐암 (NSCLC) (예를 들어, IIIB기, IV기, 백금 이중-기반 화학요법에 대해 재발성 또는 불응성), 비편평 NSCLC, 신경교종, 위장암, 신암 (예를 들어, 투명 세포 암종), 난소암, 간암 (예를 들어, 간세포성 암종), 결장직장암 (CRC) (예를 들어, 옥살리플라틴 및 이리노테칸을 포함한, 전이성 및/또는 절제불가능한 질환을 위한 표준 전신 요법을 사용한 적어도 1종의 치료에 대해 불응성), 자궁내막암, 신장암 (예를 들어, 신세포 암종 (RCC), 예를 들어 투명 세포 성분을 갖는 진행성 또는 전이성, 항혈관신생 치료 요법 (수니티닙, 소라페닙, 파조파닙, 악시티닙, 티보자닙 및 베바시주맙을 포함하나 이에 제한되지는 않음)의 단일 치료에 대해 불응성), 전립선암 (예를 들어, 호르몬 불응성 전립선 전암종), 갑상선암, 신경모세포종, 췌장암, 교모세포종 (다형성 교모세포종), 자궁경부암, 위암, 방광암, 간세포암, 유방암 (예를 들어, 삼중 음성 유방암 (TNBC), 예를 들어 재발성 또는 전이성 TNBC, 안트라시클린 및 탁산을 함유하는 적어도 1종의 표준 화학치료 요법에 대해 불응성), 결장 암종, 및 두경부암 (또는 암종) (예를 들어, 두경부의 편평 세포 암종 (SCCHN), 예를 들어 백금-함유 요법에 대해 불응성), 위암, 배세포 종양, 소아 육종, 부비동비강 자연 킬러, 흑색종 (예를 들어, 전이성 악성 흑색종, 예컨대 피부 또는 안내 악성 흑색종), 골암, 피부암, 자궁암, 항문부암, 고환암, 난관의 암종, 자궁내막의 암종, 자궁경부의 암종, 질의 암종, 외음부의 암종, 식도의 암, 소장암, 대변비계암, 부갑상선암, 부신암, 연부 조직 육종, 요도암, 음경암, 소아기 고형 종양, 요관의 암, 신우의 암종, 중추 신경계 (CNS)의 신생물, 원발성 CNS 림프종, 종양 혈관신생, 척수축 종양, 뇌암, 뇌간 신경교종, 뇌하수체 선종, 카포시 육종, 표피양암, 편평 세포암, T-세포 림프종, 환경적으로 유발된 암 (석면에 의해 유발된 것 포함), 바이러스-관련 암 또는 바이러스 기원의 암 (예를 들어, 인간 유두종 바이러스 (HPV-관련 또는 -기원 종양)), 및 2종의 주요 혈액 세포 계통, 즉 골수 세포주 (과립구, 적혈구, 혈소판, 대식 세포 및 비만 세포를 생산함) 또는 림프성 세포주 (B, T, NK 및 형질 세포를 생산함)로부터 유래된 혈액 악성종양, 예컨대 모든 유형의 백혈병, 림프종, 및 골수종, 예를 들어, 급성, 만성, 림프구성 및/또는 골수 백혈병, 예컨대 급성 백혈병 (ALL), 급성 골수 백혈병 (AML), 만성 림프구성 백혈병 (CLL), 및 만성 골수 백혈병 (CML), 미분화 AML (MO), 골수모구성 백혈병 (M1), 골수모구성 백혈병 (M2; 세포 성숙 동반), 전골수구성 백혈병 (M3 또는 M3 변이체 [M3V]), 골수단핵구성 백혈병 (M4 또는 호산구증가증을 동반한 M4 변이체 [M4E]), 단핵구성 백혈병 (M5), 적백혈병 (M6), 거핵모구성 백혈병 (M7), 고립성 과립구성 육종, 및 녹색종; 림프종, 예컨대 호지킨 림프종 (HL), 비-호지킨 림프종 (NHL), B 세포 혈액 악성종양, 예를 들어, B-세포 림프종, T-세포 림프종, 림프형질세포양 림프종, 단핵구성 B-세포 림프종, 점막-연관 림프성 조직 (MALT) 림프종, 역형성 (예를 들어, Ki 1+) 대세포 림프종, 성인 T-세포 림프종/백혈병, 외투 세포 림프종, 혈관 면역모세포성 T-세포 림프종, 혈관중심성 림프종, 장 T-세포 림프종, 원발성 종격 B-세포 림프종, 전구체 T-림프모구성 림프종, T-림프모구성; 및 림프종/백혈병 (T-Lbly/T-ALL), 말초 T-세포 림프종, 림프모구성 림프종, 이식후 림프증식성 장애, 진성 조직구성 림프종, 원발성 중추 신경계 림프종, 원발성 삼출 림프종, B 세포 림프종, 림프모구성 림프종 (LBL), 림프계의 조혈 종양, 급성 림프모구성 백혈병, 미만성 대 B-세포 림프종, 버킷 림프종, 여포성 림프종, 미만성 조직구성 림프종 (DHL), 면역모세포성 대세포 림프종, 전구체 B-림프모구성 림프종, 피부 T-세포 림프종 (CTLC) (또한 균상 식육종 또는 세자리 증후군으로 불림), 및 발덴스트롬 마크로불린혈증을 동반한 림프형질세포양 림프종 (LPL); 골수종, 예컨대 IgG 골수종, 경쇄 골수종, 비분비성 골수종, 무증상 골수종 (또한 무통성 골수종으로 불림), 고립 형질세포종, 및 다발성 골수종, 만성 림프구성 백혈병 (CLL), 모발상 세포 림프종; 골수계의 조혈 종양, 중간엽 기원의 종양 (섬유육종 및 횡문근육종 포함); 정상피종, 기형암종, 중추 및 말초 신경의 종양 (정상 세포종, 슈반세포종 포함); 중간엽 기원의 종양 (섬유육종, 횡문근육종, 및 골육종 포함); 및 다른 종양, 예를 들어 흑색종, 색소성 건피증, 각화극세포종, 정상피종, 갑상선 여포암 및 기형암종, 림프계의 조혈 종양, 예를 들어 T-세포 및 B-세포 종양 (T-세포 장애, 예컨대 T-전립선구성 백혈병 (T-PLL) (소세포 및 대뇌모양의 세포 유형 포함)을 포함하나 이에 제한되지는 않음); T-세포 유형의 거대 과립 림프구 백혈병 (LGL); a/d T-NHL 간비



장 림프종; 말초/흉선후 T 세포 림프종 (다형성 및 면역모세포성 하위유형); 혈관중심성 (비강) T-세포 림프종; 두경부의 암, 신암, 직장암, 갑상선암; 급성 골수성 림프종, 및 그의 임의의 조합으로 이루어진 군으로부터 선택된 암으로부터 유래된다. 일부 실시양태에서, 암은 진행성, 재발성, 전이성 및/또는 불응성 암이다. 일부 실시양태에서, 본 개시내용으로 치료될 수 있는 암은 선행 항-PD-L1 요법에 대해 불응성이다.

[1140] 일부 실시양태에서, 대상체에서 암을 치료하는 방법은 먼저 대상체가 TIM3 양성인지, 예를 들어 TIM3을 발현하는 종양 세포 또는 TIL 또는 예를 들어 혈액 중 가용성 TIM3을 갖는지 여부를 결정하고, 대상체가 TIM3 양성 암 또는 TIL 세포 또는 가용성 TIM3을 갖는다면, 대상체에게, 예를 들어 본원에 기재된 항-TIM3 항체를 투여하는 것을 포함한다. 암을 갖는 대상체를 항-TIM3 항체에 의해 치료하는 방법은 TIM3을 발현하는 암 세포 또는 TIL 또는 가용성 TIM3을 갖는 대상체에게 치료 유효량의 TIM3 항체를 투여하는 것을 포함할 수 있다. 또한 환자의 암 또는 TIL 세포에서의 TIM3의 수준 또는 예를 들어 혈액 중 가용성 TIM3의 양을 결정하는 것을 포함하고, 대상체의 암 또는 TIL 세포가 TIM3 양성이거나 또는 대상체가 가용성 TIM3을 갖는다면, 대상체는 TIM3 항체에 의한 치료에 반응할 가능성이 있는 것인, 대상체가 항-TIM3 항체에 의한 치료에 반응할 것인지 여부를 예측하는 방법이 본원에 제공된다.

[1141] 일부 실시양태에서, 대상체에서 암을 치료하는 방법은 먼저 대상체가 PD-L1 또는 PD-1 양성인지, 예를 들어 PD-L1 또는 PD-1을 발현하는 종양 세포 또는 TIL을 갖는지 여부를 결정하고, 대상체가 PD-L1 또는 PD-1 양성 암 또는 TIL 세포를 갖는다면, 대상체에게, 예를 들어 본원에 기재된 항-TIM3 항체 (및 임의로 PD-1 또는 PD-L1 길항제)를 투여하는 것을 포함한다. 암을 갖는 대상체를 항-TIM3 항체 (및 임의로 PD-1 또는 PD-L1 길항제와의 조합)에 의해 치료하는 방법은 PD-L1 또는 PD-1을 발현하는 암 세포 또는 TIL 세포를 갖는 대상체에게 치료 유효량의 TIM3 항체 (및 임의로 PD-1 또는 PD-L1 길항제)를 투여하는 것을 포함할 수 있다.

[1142] VII. TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현 상태

[1143] 대상체에서의 종양의 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현 상태는 본원에 개시된 임의의 조성물을 투여하거나 또는 본원에 개시된 임의의 방법을 이용하기 전에 측정될 수 있다. TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현은 관련 기술분야에 공지된 임의의 방법에 의해 결정될 수 있다.

[1144] TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현을 평가하기 위해, 일부 실시양태에서, 시험 샘플 (예를 들어, 조직 또는 혈액)이 요법을 필요로 하는 환자로 부터 수득될 수 있다. 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현의 평가는 시험 샘플을 수득하지 않고 달성될 수 있다. 일부 실시양태에서, 적합한 환자를 선택하는 것은 (i) 임의로 암을 갖는 환자로 부터 수득된 시험 샘플 (시험 샘플은 종양 세포 및/또는 종양-침윤 염증 세포를 포함함)을 제공하고; (ii) 시험 샘플에서 세포 표면 상에 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2를 발현하는 세포의 비율이 미리 결정된 한계 수준보다 더 높다는 평가에 기초하여 시험 샘플에서 세포의 표면 상에 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2를 발현하는 세포의 비율을 평가하는 것을 포함한다.

[1145] 그러나, 시험 샘플에서 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현을 측정하는 것을 포함하는 임의의 방법에서, 환자로 부터 수득된 시험 샘플을 제공하는 것을 포함하는 단계는 임의적인 단계인 것으로 이해되어야 한다. 또한, 일부 실시양태에서, 시험 샘플에서 세포 표면 상에 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2를 발현하는 세포를 확인하거나 또는 그의 수 또는 비율을 결정하기 위한 "측정" 또는 "평가" 단계는 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현에 대한 변형적 검정 방법에 의해, 예를 들어 리버스 트랜스크립타제-폴리머라제 연쇄 반응 (RT-PCR) 검정 또는 IHC 검정을 수행함으로써 수행되는 것으로 이해되어야 한다. 일부 실시양태에서, 어떠한 변형적 단계도 수반되지 않고, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현은, 예를 들어 실험실로부터의 시험 결과 보고를 검토함으로써 평가된다. 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현의 평가까지의 및 이를 포함한 방법 단계는 중간 결과를 제공하며, 이는 본 개시내용의 방법에 적합한 후보를 선택하는데 사용하기 위해 의사 또는 다른 건강관리 제공자에게 제공될 수 있다. 일부 실시양태에서, 중간 결과를 제공하는 단계는 의료 진료의 또는 의료 진료의의 지시 하에 활동하는 사람에 의해 수행된다. 일부 실시양태에서, 이들 단계는 독립적인 실험실에 의해 수행되거나 또는 독립적인 사람, 예컨대 실험실 기술자에 의해 수행된다.

[1146] 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2를 발현하는 세포의 비율 또는 가용성 TIM3의 양은 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 RNA의 존재를 결정하는 검정을 수행함으로써 평가된다. 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 RNA의 존재는 RT-PCR, 계내 혼성화 또는 RNase 보호에 의해 결정된다. 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2를 발현하는 세포의 비율 또는 가용성 TIM3의 양은 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 폴리펩티드의 존재를 결정하는 검정을 수행함으로써 평가된다. 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 폴리펩티드의 존재는 면역조직화학 (IHC), 효소-연결된 면역흡착 검정 (ELISA), 생체내 영상화, 또는 유동 세포측정법에



의해 결정된다. 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2 발현은 IHC에 의해 검정된다. 모든 이들 방법의 일부 실시양태에서, TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2의 세포 표면 발현은, 예를 들어 IHC 또는 생체내 영상화를 사용하여 검정된다. 문헌 [Chen et al., (2013) Clin Cancer Res 19(13): 3462-3473].

[1147] 일부 실시양태에서, 종양 세포 및/또는 종양-침윤 염증 세포의 적어도 약 1%, 적어도 약 2%, 적어도 약 3%, 적어도 약 4%, 적어도 약 5%, 적어도 약 6%, 적어도 약 7%, 적어도 약 8%, 적어도 약 9%, 적어도 약 10%, 적어도 약 11%, 적어도 약 12%, 적어도 약 13%, 적어도 약 14%, 적어도 약 15%, 적어도 약 20%, 적어도 약 25%, 적어도 약 30%, 적어도 약 40%, 적어도 약 50%, 적어도 약 60%, 적어도 약 70%, 적어도 약 75%, 적어도 약 80%, 적어도 약 85%, 적어도 약 90%, 적어도 약 95% 또는 약 100%가 TIM3, PD-L1 및/또는 PD-L2를 발현한다.

[1148] VIII. 제약 조성물

[1149] 본 개시내용의 치료제는 조성물, 예를 들어 항체 및 제약상 허용되는 담체를 함유하는 제약 조성물로 구성될 수 있다. 본원에 사용된 "제약상 허용되는 담체"는 생리학상 상용성인 임의의 및 모든 용매, 분산 매질, 코팅, 항박테리아제 및 항진균제, 등장화제 및 흡수 지연제 등을 포함한다. 일부 실시양태에서, 항체를 함유하는 조성물에 대한 담체는 정맥내, 근육내, 피하, 비경구, 척수 또는 표피 투여 (예를 들어, 주사 또는 주입에 의함)에 적합하다. 본 개시내용의 제약 조성물은 1종 이상의 제약상 허용되는 염, 항산화제, 수성 및 비-수성 담체, 및/또는 아주반트, 예컨대 보존제, 습윤제, 유화제 및 분산제를 포함할 수 있다.

[1150] IX. 키트

[1151] 치료 용도를 위해 항-TIM3 항체를 단독으로 또는 PD-1 신호전달 경로의 억제제 (예를 들어, 항-PD-1 항체)와 조합하여 포함하는 키트는 또한 본 개시내용의 범주 내에 있다. 키트는 전형적으로, 키트의 내용물의 의도된 사용을 나타내는 라벨 및 사용에 대한 지침서를 포함한다. 용어 라벨은 키트 상에 또는 키트와 함께 공급되거나, 또는 달리 키트에 동봉되는 임의의 문서 또는 기록물을 포함한다. 따라서, 본 개시내용은 (a) 균일 투여량의 항-TIM3 항체; (b) 임의로, 균일 투여량의 항-PD-1 항체; 및 (c) 본원에 개시된 임의의 조합 요법 방법에서 동봉된 항체 또는 항체들을 사용하는 것에 대한 지침서를 포함하는, 종양을 앓고 있는 대상체를 치료하기 위한 키트를 제공한다. 일부 실시양태에서, 항-TIM3 항체 및 항-PD-1 항체는 단위 투여 형태로 공동-패키징될 수 있다. 인간 환자를 치료하기 위한 일부 실시양태에서, 키트는 본원에 개시된 항-TIM3 항체를 포함한다. 인간 환자를 치료하기 위한 일부 실시양태에서, 키트는 본원에 개시된 항-PD-1 항체, 예를 들어 니볼루맵, 펌브롤리주맵, MEDI0680 (이전에 AMP-514), AMP-224, 또는 BGB-A317을 포함한다.

[1152] 표 2.

| SEQ ID | 설명                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|--------|-----------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1      | TIM3.5 (13A3)<br>IgG1.1f 중쇄 | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIROPFGKLEWIGSIYYSGFT<br>YYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDPWQGQTL<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 2      | 8B9 IgG1.1f<br>중쇄           | QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRHYWNWIRQPPGKLEWIGYIHYSGSTNY<br>NSSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDTGYGMDIWGQGTITVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS<br>GLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVD<br>KSRWQQGNVFCSCVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*        |
| 3      | TIM3.6 (8C4)<br>IgG1.1f 중쇄  | QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRYWWSWIRQPPGKLEWIGYIHYTGSTNY<br>NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATDTGYGMDVWGQGTITVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS<br>GLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIISKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVD<br>KSRWQQGNVFCSCVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*        |
| 4      | TIM3.2 (17C3)<br>IgG1.1f 중쇄 | QVQLVQSGAEVKKPGASVKVCKASGYTFTSYMHVWRQAPGGLEWMIINPRGDSII<br>YAQKFQGRVTMTRTSTSTVYMELSLRSEDTAVYYCARDYFGSGNYYYGMDVWGQGT<br>ITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*      |
| 5      | 9F6 IgG1.1f<br>중쇄           | QVQLVSEGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFISSGGSTIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYYGMDVWGQGT<br>ITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 6      | TIM3.4 (3G4)<br>IgG1.1f 중쇄  | QVQLVSEGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFISSGSTIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLYLQMNSLRVEDTAVYYCAREGYSSWSYYYGMDVWGQGT<br>ITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>PAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>YKLTVDKSRWQQGNVFCSCVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 7      | TIM3.9 (17C8)<br>IgG1.1f 중쇄 | QVQLVSEGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFISSSGSIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYYGMDVWGQGT<br>ITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY                                               |

[1153]

| SEQ ID | 설명                                      | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|--------|-----------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                         | SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 8      | TIM3.5 (13A3)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-말단 K 부재) | QVLQESGGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YINPSLKSRTTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDPWQGQTL<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHPKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*  |
| 9      | 8B9 IgG1.1f<br>중쇄 (C-말단 K 부재)           | QVLQESGGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRYWNWIRQPPGKGLEWIGYIHYSGSTNY<br>NSSLKSRTTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDTGYGMDIWGQGTTVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHPKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVD<br>KSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*        |
| 10     | TIM3.6 (8C4)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-말단 K 부재)  | QVLQESGGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRYWWSWIRQPPGKGLEWIGYIHYTGSTNY<br>NPSLKSRTTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATDTGYGMDVWGQGTTVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHPKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLYSKLTVD<br>KSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*       |
| 11     | TIM3.2 (17C3)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-말단 K 부재) | QVLQESGGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRYWWSWIRQPPGKGLEWIGYIHYTGSTNY<br>YQKFFQGRVTMTSDTSTVYMESSLRSEDVAVYYCARDYFGSGNYGMDVWGQGT<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHPKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*      |
| 12     | 9F6 IgG1.1f<br>중쇄 (C-말단 K 부재)           | QVLQESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGGGSTIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYGMDVWGQGT<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHPKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*   |
| 13     | TIM3.4 (3G4)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-말단 K 부재)  | QVLQESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISSTSGSIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLYLQMNSLRVEDTAVYYCAREGYSSWSYGGMDVWGQGT<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHPKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLY<br>YSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 14     | TIM3.9 (17C8)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-말단 K 부재) | QVLQESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISSTSGSIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYGMDVWGQGT<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHPKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*   |

[1154]

| SEQ ID | 설명                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|--------|-----------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 15     | TIM3.5 (13A3)<br>IgG1.3f 중쇄 | QLQLQESGPGLVKPKSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWI RQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYPNLSKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPWGQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 16     | 8B9 IgG1.3f<br>중쇄           | QVQLQESGPGLVKPKSETLSLTCTVSGGSI SRHYWNWIRQPPGKGLEWIGYIHYSGSTNY<br>NSSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDTGYYGMDI WGQGT TVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSS<br>GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT KPREEQ<br>YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVD<br>KSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*     |
| 17     | TIM3.6 (8C4)<br>IgG1.3f 중쇄  | QVQLQESGPGLVKPKSETLSLTCTVSGGSI SRYYSWIRQPPGKGLEWIGYIHYTGSTNY<br>NPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATDTGYYGMDVWGQGT TVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPTVSWNSGALTSGVHTFP AVLQSS<br>GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT KPREEQ<br>YNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVD<br>KSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*       |
| 18     | TIM3.2 (17C3)<br>IgG1.3f 중쇄 | QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCAKSGYTFTSYMHVWRQAPGQGLEWMGI INPRGDSII<br>YAKKFGQGRVTMRDTSSTVYMELSLRSED TAVYYCARDYFGSGNYYYGMDVWGQGT<br>TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*      |
| 19     | 9F6 IgG1.3f<br>중쇄           | QVQLVESGGGLVKKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGGSTIY<br>YADSVKGRFTISRDNAKNSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYYGMDVWGQGT<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*                                                                    |
| 20     | TIM3.4 (3G4)<br>IgG1.3f 중쇄  | QVQLVESGGGLVKKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISTSGSIIY<br>YADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAREGYSSSSWYYYGMDVWGQGT<br>TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPTVSWNSGALTSGVHTFP<br>PAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQ<br>VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>YSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 21     | TIM3.9 (17C8)<br>IgG1.3f 중쇄 | QVQLVESGGGLVKKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISSGSTIY<br>YADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGYSSGWEYYGMDVWGQGT<br>TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*     |
| 22     | TIM3.5 (13A3)               | QLQLQESGPGLVKPKSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWI RQPPGKGLEWIGSIYYSGFT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

[1155]



| SEQ ID | 설명                                   | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|--------|--------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제)               | YYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFD PWQGT LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*                                                          |
| 23     | 8B9 IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제)           | QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSI SRHYWNWIRQPPGKGLEWIGYIHYSGSTNYNSSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDTGYYGMDIWGQGT TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*     |
| 24     | TIM3.6 (8C4) IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제)  | QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSI SRYVSWIRQPPGKGLEWIGYIHYTGSTNYNP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATDTGYYGMDVWGQGT TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*     |
| 25     | TIM3.2 (17C3) IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제) | QVQLVQSGAEVVKPGASVKVSCAKSGYTFSTYYMHWIRQAPGGGLEWMIINPRGDSIIYAQKFQGRVTMTTRDTSTVYMELSLRSEDTAVYYCARDYFGSGNYYYGMDVWGQGT TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*    |
| 26     | 9F6 IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제)           | QVQLVSGGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISTSGSIIYADSVKGRFTISRDNANKSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYYGMDVWGQGTAVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*   |
| 27     | TIM3.4 (3G4) IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제)  | QVQLVSGGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISTSGSIIYADSVKGRFTISRDNANKSLYLQMNSLRVEDTAVYYCAREGYSSWSYYYGMDVWGQGT TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG*  |
| 28     | TIM3.9 (17C8) IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제) | QVQLVSGGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISSTSGSIIYADSVKGRFTISRDNANKSLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYYGMDVWGQGT TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 72     | TIM3.10 (13A3)                       | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYQP SLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFD PWQGT L                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |

[1156]

| SEQ ID | 설명                                      | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|--------|-----------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | IgG1.1f (N60Q)<br>중쇄                    | VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*                                                                                                                       |
| 73     | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.1f (N60S)<br>중쇄  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYAPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 74     | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.1f (N60A)<br>중쇄  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYAPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 75     | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.1f (D101E)<br>중쇄 | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFEPWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 76     | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.1f (P102V)<br>중쇄 | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDVWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 77     | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.1f (P102Y)<br>중쇄 | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 78     | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.1f (P102L)<br>중쇄 | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDLWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 79     | TIM3.17 (13A3)<br>IgG1.1f               | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYQPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDYWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |

[1157]

| SEQ ID | 설명                                              | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------|-------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | (N60Q/P102Y)<br>중쇄                              | AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*                                                                                                                                                                                                 |
| 349    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.1f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIROPKPGGLEWIGSIYYSGFT<br>YYQPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDIYAHWFEPWQGQTL<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 80     | TIM3.8 (8B9)<br>IgG1.1f (S61P)<br>중쇄            | QVQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSI SRHYWNWIRQPPKPGGLEWIGYIHYSGSTNY<br>NPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDTGYGMDIWGQGTTVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS<br>GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*        |
| 81     | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.1f (A108T)<br>중쇄           | QVQLVESGGGLVLPKPGGSLRLS CAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGGGSTIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYGMDVWGQGT<br>TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 388    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.1f 중쇄                      | QVHLVESGGGLVLPKPGGSLRLSCTAFSDYYMSWIRQAPGKGLEWLSYISN<br>SGSIIYYADSVKGRFTISRDNANKSVYLLQMNSLRAEDTAVYYCARGRIG<br>FFDYWGPGTLTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFP<br>EPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC<br>NVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKD<br>TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQ<br>VYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTP<br>VLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSP<br>GK*   |
| 396    | 23B3 IgG1.1f<br>중쇄                              | QVQLVSGGGGLVLPKPGGSLRLS CAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGSGSIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLDLQMNSLRAEDTAVYYCARDGMVRGMNFYGMVWGQGT<br>TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 402    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.1f (G6E,<br>D79Y) 중쇄     | QVQLVESGGGLVLPKPGGSLRLS CAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGSGSIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKSLYLLQMNSLRAEDTAVYYCARDGMVRGMNFYGMVWGQGT<br>TVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTI SKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* |

[1158]

| SEQ ID | 설명                                                  | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|--------|-----------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 82     | TIM3.10 (13A3)<br>IgG1.1f (N60Q)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYQPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPGQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 83     | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.1f (N60S)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPGQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*  |
| 84     | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.1f (N60A)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYAPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPGQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 85     | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.1f (D101E)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFEPWQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*  |
| 86     | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.1f (P102V)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPGQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 87     | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.1f (P102Y)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPGQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 88     | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.1f (P102L)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT<br>YYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPGQGT<br>LVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFP<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVKPKSCDKTHTCPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 89     | TIM3.17 (13A3)                                      | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIQPPGKGLEWIGSIYYSGFT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |

[1159]



| SEQ ID | 설명                                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|--------|-------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | IgG1.1f<br>(N60Q/P102Y)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)                   | YYQPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFEDYWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*                                                           |
| 350    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.1f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIROPKPGGLEWIGSIYSGFTYYQPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFEPWQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*  |
| 90     | TIM3.8 (8B9)<br>IgG1.1f (S61P)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)            | QVQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRHYWNWIRQPPKPGGLEWIGYIHYSGSTNYNPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCARDTGYGMDIWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*      |
| 91     | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.1f (A108T)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)           | QVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGGGSTIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYYGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 389    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.1f 중쇄 (C-말단 K 부재)                      | QVHLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWLSYISNSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSVYLQMNSLRVEDTAVYYCARGRIGFFDYWGPGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*        |
| 397    | 23B3 IgG1.1f<br>중쇄 (C-말단 K 부재)                              | QVQLVSGGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLDLQMNSLRVEDTAVYYCARDGMVRGMNFGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*   |
| 403    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.1f (G6E, D79Y) 중쇄 (C-말단 K 부재)        | QVQLVSGGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRVEDTAVYYCARDGMVRGMNFGMDVWGQGTTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*   |
| 92     | TIM3.10 (13A3)                                              | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIROPKPGGLEWIGSIYSGFTYYQPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDPWQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPSSIEKTIKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*  |

[1160]

| SEQ ID | 설명                                      | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|--------|-----------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | IgG1.3f (N60Q)<br>중쇄                    | VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*                                                                                                                           |
| 93     | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.3f (N60S)<br>중쇄  | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYSPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFD PWGQGT L VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 94     | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.3f (N60A)<br>중쇄  | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYAPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFD PWGQGT L VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 95     | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.3f (D101E)<br>중쇄 | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFEPWQGT L VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*   |
| 96     | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.3f (P102V)<br>중쇄 | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFDVWQGT L VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*   |
| 97     | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.3f (P102Y)<br>중쇄 | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFDYWGQGT L VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 98     | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.3f (P102L)<br>중쇄 | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFDLWQGT L VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*   |
| 99     | TIM3.17 (13A3)<br>IgG1.3f               | QLQLQESGPGLVKPSSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYQPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYG DYAHWFDYWGQGT L VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPI EKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV FSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |

[1161]

| SEQ ID | 설명                                              | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------|-------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | (N60Q/P102Y)<br>중쇄                              | AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*                                                                                                                                                                                                 |
| 351    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 | QLQLQESGPGVLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIRQPPGKGLEWIGSTIYSGFT<br>YYQPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCATGGPYGYAHWFEPWQGQTL<br>VTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPA<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*   |
| 100    | TIM3.8 (8B9)<br>IgG1.3f (S61P)<br>중쇄            | QVQLQESGPGVLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRHYWNWIRQPPGKGLEWIGYIHYSGSTNY<br>NPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARDTGYGMDIWGQGTFTVTVSSA<br>STKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSS<br>GLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEG<br>APSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*        |
| 101    | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.3f (A108T)<br>중쇄           | QVQLVESGGGLVLPKPGGSLRLSCTAFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGGGSTIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKNSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYGMDVWGQGT<br>FTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPA<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP<br>APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*    |
| 390    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.3f 중쇄                      | QVHLVESGGGLVLPKPGGSLRLSCTAFSDYYMSWIRQAPGKGLEWLSYISN<br>SGSIIYYADSVKGRFTISRDNANKNSVYLQMNSLRAEDTAVYYCARGRIG<br>FFDYWGPGTLTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFP<br>EPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYIC<br>NVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKD<br>TLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV<br>YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK*       |
| 398    | 23B3 IgG1.3f<br>중쇄                              | QVQLVSGGGGLVLPKPGGSLRLSCTAFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVS<br>FISGSGSIIYYADSVKGRFTISRDNANKNSLDLQMNSLRAEDTAVYYCAR<br>DGMVRGMNFGMDVWGQGTFTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTA<br>ALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP<br>SSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCPAPEAEGAP<br>SVFLFPPKPKDTLMI SRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKT<br>KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPS<br>REEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 404    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.3f (G6E,<br>D79Y) 중쇄     | QVQLVESGGGLVLPKPGGSLRLSCTAFSDYYMSWIRQAPGKGLEWVSFISGSGSIIY<br>YADSVKGRFTISRDNANKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDGMVRGMNFGMDVWGQGT<br>FTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPA<br>AVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVPEPKSCDKTHTCPPCP                                                                                                                                                                                                                                                |

[1162]

| SEQ ID | 설명                                                  | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|--------|-----------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                     | APEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*                                                                                                                                                                                                                                             |
| 102    | TIM3.10 (13A3)<br>IgG1.3f (N60Q)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYQPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 103    | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.3f (N60S)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYQPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 104    | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.3f (N60A)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)  | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYQPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDWPWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK* |
| 105    | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.3f (D101E)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFEPWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 106    | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.3f (P102V)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDVWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 107    | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.3f (P102Y)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDYWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |
| 108    | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.3f (P102L)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | QLQLQESGPGGLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYGWIRQPPGKGLEWIGSIYYSGFTYYNPSLKSRTISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDLWGQGTLLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVVFSCSVMEALHNHYTQKSLSLSPGK*  |

[1163]



| SEQ ID | 설명                                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|--------|-------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | 부제)                                                         | KPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| 109    | TIM3.17 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/P102Y)<br>중쇄 (C-말단 K 부제) | QLQLQESGGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIROPKGLWIGSIYYSGFTYYQPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDPWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*       |
| 352    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 (C-말단 K 부제) | QLQLQESGGPLVKPSETLSLTCTVSGGSISSRSYYWGWIROPKGLWIGSIYYSGFTYYQPSLKSRTVISVDTSKNQFSLKLSVTAADTAVYYCATGGPYGDYAHWFDPWGQGTLVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*       |
| 110    | TIM3.8 (8B9)<br>IgG1.3f (S61P)<br>중쇄 (C-말단 K 부제)            | QVQLVDSGGGLVKPGGSLRLSCTAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFIISGSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYGMDVWGQGTITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*   |
| 111    | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.3f (A108T)<br>중쇄 (C-말단 K 부제)           | QVQLVDSGGGLVKPGGSLRLSCTAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFIISGSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGYSSGWYYGMDVWGQGTITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*   |
| 391    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부제)                      | QVHLVESGGGLVKPGGSLRLSCTAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFIISGSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSVYLQMNSLRVEDTAVYYCARGRIGFFDYWGPGTLTVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG*        |
| 399    | 23B3 IgG1.1f<br>중쇄 (C-말단 K 부제)                              | QVQLVDSGGGLVKPGGSLRLSCTAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFIISGSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGMVGRMNFYGMVDVWGQGTITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |
| 405    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.1f (G6E, D79Y) 중쇄 (C-말단 K 부제)        | QVQLVDSGGGLVKPGGSLRLSCTAASGFTFSDYYMSWIRQAPGKLEWVSFIISGSGSIYYADSVKGRFTISRDNAKNSLFLQMNSLRVEDTAVYYCARDGMVGRMNFYGMVDVWGQGTITVTVSSASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVTPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKRVEPKSCDKTHTCTPPCPAPEAEGAPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTTPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFCFSVMHEALHNHYTQKSLSLSPG* |

[1164]

| SEQ ID | 설명                                                                                    | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|--------|---------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                                                       | YTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTPPVLDSDGSFFLY<br>SKLTVDKSRWQQGNVFSVSMHEALHNHYTQKSLSLSPG*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 29     | TIM3.5 (13A3),<br>TIM3.2 (17C3),<br>TIM3.4 (3G4),<br>TIM3.25/23B3<br>(VK1) IgG1<br>경쇄 | EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGI<br>PDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI<br>FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSL<br>STLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| 30     | 8B9, TIM3.6<br>(8C4), TIM3.9<br>(17C8) IgG1<br>경쇄                                     | EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASSRATGI<br>PDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI<br>FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSL<br>STLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| 32     | 9F6 VK1 IgG1<br>경쇄                                                                    | AIQLTQSPSSLSASVGDRTVITCRASQGISSALAWYQQKPGKAPKLLIYDASSLESQV<br>SRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCQQFNYSYPRTFGGGTKVEIKRTVAAPSVFI<br>FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSL<br>STLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| 33     | 9F6 VK2 IgG1<br>경쇄                                                                    | EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI<br>YGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLTF<br>GGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ<br>WKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKADYEKHKVYACEV<br>THQGLSSPVTKSFNRGEC*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| 31     | 9F6 VK3 IgG1<br>경쇄                                                                    | EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI<br>YGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLT<br>FGGGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV<br>QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKADYEKHKVYACE<br>VTHQGLSSPVTKSFNRGEC*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| 408    | TIM3.24/14H7<br>IgG1 경쇄                                                               | EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI<br>YGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPLT<br>FGPGTKVDIKRTVAAPSVFI FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV<br>QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKADYEKHKVYACE<br>VTHQGLSSPVTKSFNRGEC*                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| 409    | 23B3 IgG1 경쇄<br>(VK2)                                                                 | EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLI<br>YGASSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPFG<br>GGTKVEIKRTVAAPSVFI FPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQ<br>KVDNALQSGNSQESVTEQDSKDYSLSTLTLSKADYEKHKVYACEVT<br>HQGLSSPVTKSFNRGEC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| 134    | TIM3.5 (13A3)<br>IgG1.1f 중쇄                                                           | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCTCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCATCGGTCTTCCCTTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACACGCGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA |

[1165]

| SEQ ID | 설명                         | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |
|--------|----------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                            | GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACACGCAGAAGAGCTCTCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
| 135    | 8B9 IgG1.1f<br>중쇄          | CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCTACTTGGAACTGGATCCGGCAGC<br>CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGGAAAGCACCACCTAC<br>AATTCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA<br>CTGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTCTAGCT<br>AGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGT<br>GGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGCGGTGCACACCTTCCCGGTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACACCGTGCCACGACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGAC<br>CCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGAGGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCAGCTACCGTGTGGTGCAGCGTCTCACCGTCTTGCACCCAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCAAGCAGCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGCCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCA<br>CGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAAATGA |
| 136    | TIM3.6 (8C4)<br>IgG1.1f 중쇄 | CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCTACTTGGAGCTGGATCCGGCAGC<br>CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACACTGGGAGCACCACCTAC<br>AACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCAGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGACAGATA<br>CGGGCTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCTCTAGCT<br>AGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGT<br>GGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGCGGTGCACACCTTCCCGGTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACACCGTGCCACGACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGAC<br>CCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGAGGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCAGCTACCGTGTGGTGCAGCGTCTCACCGTCTTGCACCCAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCAAGCAGCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGCCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCA<br>CGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAAATGA |

[1166]

| SEQ ID | 설명                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|--------|-----------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 137    | TIM3.2 (17C3)<br>IgG1.1f 중쇄 | <p>CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGTCTCCTGCAAGGCATCTGGATACACTTTACCAGCTACTATATGCACTGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTAGGGGTGATAGCATAATCTACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATTTCTATGGTTCGGGAACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAGGTACCCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGCGTGCACACCTTCCCCGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTACGCGTCTCACCGTCTGCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCCAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAATAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCTGTCCCCGGGTAATGA</p> |
| 138    | 9F6 IgG1.1f<br>중쇄           | <p>CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTGGTGGTAGTACCATATACATCGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCGCTGTTCCTGCAATGAACAGCCTGAGAGTCAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGCTATAGCAGTGGTGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCGGTGTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGCGTGCACACCTTCCCCGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCCAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAATAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCTGTCCCCGGGTAATGA</p>                                                       |
| 139    | TIM3.4 (3G4)<br>IgG1.1f 중쇄  | <p>CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTACTAGTGGTAGTATCATATACATCGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACTGTATCTGCAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAAGGTATAGCAGCAGTGGTCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACCGGTACCCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCGGCTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCCACCGTGCCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCCAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAATAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCTGTCCCCGGGTAATGA</p>                                                       |

[1167]



| SEQ ID | 설명                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------|---------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                             | CAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCA<br>AGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGC<br>CCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGA<br>CACCCTTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG<br>AAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAG<br>ACAAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGT<br>CCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCC<br>TCCCAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAG<br>GTGTACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTACGCTGACCTG<br>CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC<br>CGGAGAACAACTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTC<br>TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC<br>CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGACCTCTCCCTGTCCCCGG<br>GTAATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 140    | TIM3.9 (17C8)<br>IgG1.1f 중쇄                 | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTAGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGGTATAGCAGTGGCTGGGAGTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCTGTACGCTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGCAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGACCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |
| 141    | TIM3.5 (13A3)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAAACCTG<br>GTACCGCTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACACGCGCGTGACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG                                                                                                                                         |

[1168]

| SEQ ID | 설명                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|--------|---------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                             | AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCAATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCGAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| 142    | 8B9 IgG1.1f<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제)            | CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCACTACTGGAAGTGGATCCGGCAGC<br>CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGAAGCACCACCTAC<br>AATTCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA<br>CTGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCT<br>AGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGT<br>GGAATCAGGCGCCCTGACCAAGCGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGAC<br>CCCTGAGGTGACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCACGTACCGTGTGGTGCAGCTCCTCACCGTCTGCACAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAAGCAGCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGCATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCA<br>CGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCGAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTGA  |
| 143    | TIM3.6 (8C4)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제)  | CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCACTACTGGAAGTGGATCCGGCAGC<br>CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACACTGGGAGCACCACCTAC<br>AACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCAGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA<br>CGGGTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCT<br>AGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGT<br>GGAATCAGGCGCCCTGACCAAGCGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGAC<br>CCCTGAGGTGACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCACGTACCGTGTGGTGCAGCTCCTCACCGTCTGCACAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAAGCAGCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGCATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCA<br>CGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCGAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTGA |
| 144    | TIM3.2 (17C3)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제) | CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGT<br>CTCCTGCAAGGCATCTGGATACACTTTCACAGCTACTATATGCACTGGGTGCGACAGG<br>CCCCGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCTAGGGGTGATAGCATAATC<br>TACGACAGAAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGT<br>CTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATTCTTATGGTTCGGGAACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCAGACGGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |

[1169]

| SEQ ID | 설명                                         | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                |
|--------|--------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                            | AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGACAAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| 145    | 9F6 IgG1.1f<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제)           | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCACTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTGGTGGTAGTACCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCGCT<br>GTTTCTGCAATGAACAGCCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGCTATAGCAGTGGCTGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCGCG<br>GTACCGCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGACAAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br>GA |
| 146    | TIM3.4 (3G4)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제) | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCACTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTACTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>AAGGGTATAGCAGCAGTGGTCTTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACC<br>ACGGTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTC<br>CTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCC<br>CCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTC<br>CCGGCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTC<br>CAGCAGCTTGGGACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCA<br>AGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGC<br>CCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGA<br>ACCCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACG<br>AAGACCCGTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAG<br>ACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCT<br>CTGCACACGAGTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCC<br>TCCCAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |

[1170]

| SEQ ID | 설명                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
|--------|---------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                             | GTGTACACCCCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTG<br>CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCACGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC<br>CGGAGAACAACTACAAGACCACGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTC<br>TATAGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC<br>CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGG<br>GTTGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| 147    | TIM3.9 (17C8)<br>IgG1.1f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제) | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGGAGCCTCTGGATTACCTTTCAGTGACTACTACATGAGTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTAGTAGTGGTAGATATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCACATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGGTATAGCAGTGGCTGGGAGTACTACGGTATGGACCTCGGGGCCAAGGACACAGC<br>GTCACCGTCTCCTCAGTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTTCCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTGCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGTCTGGGCAACCCAGCTACATCTGCAACGTGAATCAACAAGCCCAACCAACAGAGCA<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAATCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGGGGAGGAGTACACAACAGCACGTACCGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCCGAGAAAACCATCTCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCACGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGACGCCG<br>AGAACAACATACAAGAACACCGCTCCCGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGGACAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 148    | TIM3.5 (13A3)<br>IgG1.3f 중쇄                 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTACC<br>TACTACAACCCGTCCTTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGCTCCAAGAACA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGCGGCTGTGATTATTGTGGCA<br>CAGGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGTAGACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCTC<br>CAAGAGCTCTTGGGGGACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTGCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGTCTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAACCAACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAATCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT<br>ACCTTGAGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGGCCCATCCAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGTGC<br>TACACCTTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCCTGGAGTGGGAGAGCAATGGGACGCCGG<br>AGAACAACATACAAGAACACCGCTCCCGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA              |
| 149    | 8B9 IgG1.3f<br>중쇄                           | AGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCTC<br>ACCTGCACCTGTCTTGGTGGCTCCATCAGTCGTCACTACTGGAATGGATCCGGCAGCC<br>CCGAGGGAAGGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGAAGCACCACATCA<br>ATTCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCGGTTCTC<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |



| SEQ ID | 설명                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------|-----------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                             | CTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATAC<br>TGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAGGACACCGGTACCGCTCTCCTCAGCTA<br>GCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGC<br>ACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTG<br>GAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCGGCTGTCTACAGTCCTCAG<br>GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACC<br>TACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCC<br>CAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGG<br>CCCCGTCACTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATGATCTCCGGACC<br>CCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCAA<br>CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAGT<br>ACAACAGCAGCTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCTGCACAGGACTGGCTGAAT<br>GGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAAAC<br>CATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCCATCCC<br>GGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC<br>AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGAGAACAACTACAAGACCAC<br>GCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCCTGGACA<br>AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCAC<br>AACCCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCTGTCCCCGGGTAATGA                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 150    | TIM3.6 (8C4)<br>IgG1.3f 중쇄  | CAGGTGCAGTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGC<br>CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACACTGGGAGCACCACCTAC<br>AACCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCTCAAGAACCAAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCAGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGACAGATA<br>CGGGCTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACGGTCAACCGTCTCCTCAGCT<br>AGCACAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGT<br>GGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCGGCTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCGTCACTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATGATCTCCGGAC<br>CCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCTGCACAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGAGAACAACTACAAGACCA<br>CGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCCTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCTGTCCCCGGGTAATGA |
| 151    | TIM3.2 (17C3)<br>IgG1.3f 중쇄 | CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGT<br>CTCCTGCAAGGCATCTGGATACACTTTCACCAGCTACTATATGCACTGGGTGCGACAGG<br>CCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTAGGGGTGATAGCATAATC<br>TACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGT<br>CTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATTTCTATGGTTCGGGAACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |

[1172]

| SEQ ID | 설명                         | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
|--------|----------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                            | GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTTCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 152    | 9F6 IgG1.3f<br>중쇄          | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTGGTGGTAGTACCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCGCT<br>GTTTCTGCAATGAACAGCCTGAGAGTGCAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGCTATAGCAGTGGCTGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCGG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCC<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCT<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTTCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA        |
| 153    | TIM3.4 (3G4)<br>IgG1.3f 중쇄 | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTACTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>AAGGGTATAGCAGCAGTGGTCTTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACC<br>ACGGTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTC<br>CTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCC<br>CCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTC<br>CCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCCTC<br>CAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCA<br>AGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGC<br>CCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGA<br>CACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACG<br>AAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAG<br>ACAAAGCCGCGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGT<br>CCTGCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCC<br>TCCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAG<br>GTGTACACCTTCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTG<br>CCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGC<br>CGGAGAACAACCTACAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTC<br>TATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTC<br>CGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGG<br>GTAATGA |
| 154    | TIM3.9 (17C8)              | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

[1173]

| SEQ ID | 설명                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|--------|---------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | IgG1.3f 중쇄                                  | CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTTCATTAGTAGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGGTATAGCAGTGGCTGGGAGTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCC<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCT<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCCAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACTACAAGACACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                           |
| 155    | TIM3.5 (13A3)<br>IgG1.3f 중쇄 (C-<br>말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCAAC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCCGTGACACGTCCAAGAACA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCC<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCT<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCCAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 156    | 8B9 IgG1.3f<br>중쇄 (C-말단 K<br>부재)            | AGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCTC<br>ACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCACTACTGGAACCTGGATCCGGCAGCC<br>CCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGGAAAGCACCAACTACA<br>ATTCTCCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCC<br>CTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATAC<br>TGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAGGGACACGGTCACCGTCTCTTCAGCTA<br>GCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGC<br>ACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTG<br>GAACTCAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCTCTCAG<br>GACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACC<br>TACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCC<br>CAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |

[1174]

| SEQ ID | 설명                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|--------|---------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                             | <p>CCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACC<br/> CCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAA<br/> CTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGGGAGGAGCAGT<br/> ACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTGCACAGGACTGGCTGAAT<br/> GGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAAC<br/> CATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCATCCC<br/> GGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGGTCAAAGGCTTCTATCCC<br/> AGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCAC<br/> GCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACA<br/> AGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCAC<br/> AACCCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTGA</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
| 157    | TIM3.6 (8C4)<br>IgG1.3f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제)  | <p>CAGGTGCAGCTGCAGGAGTGGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT<br/> CACTGCACGTGTCTGTGGTGGCTCCATCAGTCGTACTACTGGAGCTGGATCCGGCAGC<br/> CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACACTGGGAGCACCACCTAC<br/> AACCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br/> CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCAGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGACAGATA<br/> CGGGCTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCT<br/> AGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGGACACCTCTGGGG<br/> CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCGAACCAGGTGACGGTGTCTGT<br/> GGAAGTCAAGGCGCCCTGACCAAGCGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCA<br/> GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br/> CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGATTGAGC<br/> CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br/> GCCCGCTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGAC<br/> CCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAAGTTCA<br/> AGTATACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGGGAGGAGCAG<br/> TACAACAGCAGCTACCGTGTGGTCAAGCGTCTCACCGTCTGCACAGGACTGGCTGAA<br/> TGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAA<br/> CCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCATCC<br/> CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br/> CAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCA<br/> CGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br/> AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br/> CAACCCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTGA</p>                     |
| 158    | TIM3.2 (17C3)<br>IgG1.3f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제) | <p>CAGGTGCAGTTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAGTGAAGGT<br/> CTCCTGCAAGGCATCTGGATACACTTTCACAGCTACTATATGCACTGGGTGCGACAGG<br/> CCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTAGGGGTGATAGCATAATC<br/> TACGCACAGAAGTTCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGT<br/> CTAGATGGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAG<br/> ATTTCTATGTTTCGGGAACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAG<br/> GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br/> CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br/> AACCCTGACGGTGTCTGTGGAAGTCAAGGCGCCCTGACCAAGCGCGTGCACACCTTCCCC<br/> GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCTCCAG<br/> CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br/> TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br/> GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCACTCTCTCTTCCCCCAAACCCAAAGGACAC<br/> CCTCATGATCTCCCGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br/> ACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br/> AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCACCGTCTCCT<br/> GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br/> CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br/> TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCT<br/> GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br/> AGAACAACTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br/> AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br/> GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br/> GA</p> |

[1175]



| SEQ ID | 설명                                   | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|--------|--------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 159    | 9F6 IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부재)           | <p>CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTTCATTAGTGGTGGTAGTACCATAATACATACGACAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCGCTGTTTCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGCTATAGCAGTGGCTGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCGCGTACCCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTCACAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCAACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTGCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCTGACCTGCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGAACACTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTTGA</p>        |
| 160    | TIM3.4 (3G4) IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부재)  | <p>CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTTCATTAGTACTAGTGGTAGTATCATATACATACGACAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACTGTATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGAAGGTATAGCAGCAGCTGGTCTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACGGTCAACGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACAAGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCACAGCCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTTGCAACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAGCCCCGCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCTGACCTGCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCGGAGAACAACTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTTGA</p> |
| 161    | TIM3.9 (17C8) IgG1.3f 중쇄 (C-말단 K 부재) | <p>CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTTCATTAGTACTAGTGGTAGTATCATATACATACGACAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACTGTATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATGGGTATAGCAGTGGCTGGGAGTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACGCTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTCACAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |

[1176]

| SEQ ID | 설명                                     | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------|----------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                        | CAGCTTGGGACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCCTCCT<br>GCACCGAGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAATAACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCTGTCCCCGGGTT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| 205    | TIM3.10 (13A3)<br>IgG1.1f (N60Q)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCAAC<br>TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGAATACGCCCACTGGTTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGAAGTCAAGGCCTGACAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GGTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCGTGGCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCT<br>GCACCGAGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAATAACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |
| 206    | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.1f (N60S)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCAAC<br>TACTACTCACCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGAATACGCCCACTGGTTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGAAGTCAAGGCCTGACAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCGTGGCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCT<br>GCACCGAGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG                                                                                                                                                                                                   |

[1177]

| SEQ ID | 설명                                      | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|--------|-----------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                         | AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGTCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| 207    | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.1f (N60A)<br>중쇄  | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACCC<br>TACTACGCACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGGAACCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCAACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCGACCCG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>GATGTCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                |
| 208    | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.1f (D101E)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACCC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGAACCCCTGGGGCCAGGGGAACCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCGACCCG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGTCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |
| 209    | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.1f (P102V)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACCC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGGAACCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCGACCCG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGTCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA  |

[1178]

| SEQ ID | 설명                                      | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
|--------|-----------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                         | <p>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br/> CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br/> AACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br/> GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br/> CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br/> TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br/> GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br/> CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br/> ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br/> AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTT<br/> GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br/> CAAGCAGCATCGAAGAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTG<br/> TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br/> GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br/> AGAACAATAACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br/> AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br/> GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br/> AATGA</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| 210    | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.1f (P102Y)<br>중쇄 | <p>CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br/> CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br/> GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br/> TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br/> GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br/> CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCTTG<br/> GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br/> CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br/> AACCGGTGACGGTGTCTGTGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br/> GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br/> CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br/> TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br/> GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br/> CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br/> ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br/> AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br/> CAAGCAGCATCGAAGAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTG<br/> TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br/> GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br/> AGAACAATAACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br/> AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br/> GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br/> AATGA</p> |
| 211    | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.1f (P102L)<br>중쇄 | <p>CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br/> CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br/> GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br/> TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br/> GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br/> CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCTATGGGGCCAGGGAACCTTG<br/> GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br/> CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br/> AACCGGTGACGGTGTCTGTGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br/> GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br/> CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br/> TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br/> GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br/> CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br/> ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br/> AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |

[1179]



| SEQ ID | 설명                                              | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|--------|-------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                 | GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACATAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 212    | TIM3.17 (13A3)<br>IgG1.1f<br>(N60Q/P102Y)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCACTGGTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCACAGCGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGAACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGCTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACATAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGTA<br>AATGA   |
| 355    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.1f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCACTGGTTCGAACCTGGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCACAGCGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAAGTCTTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGAACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGCTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTC<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACATAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGTA<br>AATGA |
| 213    | TIM3.8 (8B9)                                    | CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGCTACTACTGGAAGTGGATCCGGCAGC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |

[1180]

| SEQ ID | 설명                                    | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------|---------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | IgG1.1f (S61P)<br>중쇄                  | CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGGAGCACCACCTAC<br>AATCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA<br>CTGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCT<br>AGCACCAAGGGCCATCGGTCTTCCCTTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTG<br>GGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCGGTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCGTCACTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGAC<br>CCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCACGTACCGTGTGGTGACGCTCTCACCCTCCTGCACCAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAGCCCTCCAAGCAGCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCCCTGCCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGAACAACTACAAGACCA<br>CGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAATGA                                                                                                                                                |
| 214    | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.1f (A108T)<br>중쇄 | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGACGCTCTGGATTACCTTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTGGTGGTGGTAGTACCATATAC<br>TACGCGAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAAGTCTCGT<br>GTTTCTGCAAAATGAACGCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGCTATAGCAGTGGCTGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCATCGGTCTTCCCTTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGT<br>GCACCGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAGGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |
| 430    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.1f 중쇄            | CAGGTGCACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTACAGCCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG<br>GGCTGGAGTGGTTATCATACATTAGTAATAGTGGTAGTATCATATACTACGCAGACTCT<br>GTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAAGTCAAGTGTATCTGCAAAAT<br>GAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGCGAATTGGTT<br>TTTTTGACTACTGGGGCCCGGAACCTGGTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGC<br>CCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCT<br>GGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCG<br>CCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCC<br>CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA<br>CGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTG<br>ACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTC<br>TTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTGAC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |

[1181]

| SEQ ID | 설명                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|--------|---------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                             | ATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG<br>ACGGCCTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAG<br>TACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA<br>CAAGTGGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCCAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAG<br>CCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCATCCCGGGAGGAGATG<br>ACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGC<br>CGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGC<br>TGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGG<br>CAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACAC<br>GCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAAATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 434    | 23B3 IgG1.1f<br>중쇄                          | CAGGTGCAGCTGGTGGGATCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTTTCATTATTAGTGGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GGATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTC<br>GCACCAAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA   |
| 438    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.1f (G6E,<br>D79Y) 중쇄 | CAGGTGCAGCTGGTGGAAATCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTTTCATTATTAGTGGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTC<br>GCACCAAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |

[1182]

| SEQ ID | 설명                                                 | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|--------|----------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 215    | TIM3.10 (13A3)<br>IgG1.1f (N60Q)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCTCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGAAGTACGCCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTACCCGCTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAAGTACAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTC<br>GCACCGAGGACTGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTTCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 216    | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.1f (N60S)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACTACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCTCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGAAGTACGCCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTACCCGCTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAAGTACAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTC<br>GCACCGAGGACTGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTTCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 217    | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.1f (N60A)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACGCACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCTCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGAAGTACGCCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTACCCGCTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAAGTACAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCTCCAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |

[1183]



| SEQ ID | 설명                                                     | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|--------|--------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                        | CAGCTTGGGACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTC<br>GCACCGAGGTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 218    | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.1f (D101E)<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCCTGGTTCGAACCTTCGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTACCGTCTCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCTTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCACCGTCTC<br>GCACCGAGGTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACTACAAGACAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 219    | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.1f (P102V)<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCCTGGTTCGACGTATGGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTACCGTCTCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCACCGTCTC<br>GCACCGAGGTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG                                                                                                                                                                                               |

[1184]

| SEQ ID | 설명                                                     | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|--------|--------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                        | AGAACAACCTACAAGACCACGCCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| 220    | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.1f (P102Y)<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCGTG<br>GTACCCGTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCCGTGCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCGTGAGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCCTCCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGTCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 221    | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.1f (P102L)<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCTATGGGGCCAGGGAACCCGTG<br>GTACCCGTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCCGTGCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCGTGAGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCCTCCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTG<br>TACACCTGTCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 222    | TIM3.17 (13A3)<br>IgG1.1f<br>(N60Q/P102Y)              | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACC<br>TACTACCAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCGTG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |

[1185]

| SEQ ID | 설명                                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|--------|-------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | 중쇄 (C-말단 K 부재)                                              | <p>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br/> CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br/> AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br/> GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br/> CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br/> TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCCGTGCCA<br/> GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br/> CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br/> ACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br/> AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTT<br/> GCACCAAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br/> CAAGCAGCATCGAAGAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCGAGAACCAAGGTG<br/> TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGACCTGCCT<br/> GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br/> AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br/> AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br/> GATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br/> GA</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| 356    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.1f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | <p>CAGCTGCAGTGCAGGAGTGGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCGTGCCCT<br/> CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br/> GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br/> TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCAAGTCAACATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br/> GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGAGACACGGCTGTGATTATTGTGCGA<br/> CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGAACCCCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br/> GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br/> CAAGCAGCATCGAAGAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCGAGAACCAAGGTG<br/> AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br/> GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br/> CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br/> TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCCGTGCCA<br/> GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br/> CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br/> ACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br/> AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br/> GCACCAAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br/> CAAGCAGCATCGAAGAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCGAGAACCAAGGTG<br/> TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCT<br/> GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br/> AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br/> AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br/> GATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br/> GA</p> |
| 223    | TIM3.8 (8B9)<br>IgG1.1f (S61P)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)            | <p>CAGGTGCAGTGCAGGAGTGGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCGTGCCCT<br/> CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCACTACTGGAACCTGGATCCGGCAGC<br/> CCCCAGGGAAGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGAAGCACCACCTAC<br/> AATCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCAACATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br/> CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA<br/> CTGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAAGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCT<br/> AGCACCAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br/> CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGT<br/> GGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCGGCTGTCTACAGTCTCTCA<br/> GGACTTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br/> CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br/> CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br/> GCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGAC<br/> CCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCA<br/> ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br/> TACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCACCCTCTGCACCAAGGACTGGCTGAA</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

[1186]

| SEQ ID | 설명                                                   | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|--------|------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                      | TGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAAGCAGCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAATACAGACCA<br>CGCCTCCCGTGGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCGGGTTGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| 224    | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.1f (A108T)<br>중쇄 (C-말단 K<br>부재) | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTGGTGGTAGTACCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCGCT<br>GTTTCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGCTATAGCAGTGGCTGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACG<br>GTACCGTCTCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCTTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCGG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTACCCTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGACACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCTGTAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCTGGAGGTGCATATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTACCGTCTC<br>GCACCAAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGAGCCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCGGGTT<br>GA |
| 431    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.1f 중쇄 (C-<br>말단 K 부재)           | CAGGTGCACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTACAGCCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG<br>GGCTGGAGTGGTTATCATACATTAGTAATAGTGGTAGTATCATATACTACGCAGACTCT<br>GTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCAGTGTATCTGCAAAAT<br>GAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGCGAATTGGTT<br>TTTTTACTACTGGGGCCCGGAACCTGGTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGC<br>CCATCGGTCTTCCCTTGGCACCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCT<br>GGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCGAACCAGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCG<br>CCCTGACCAGCGCGTGCACACCTTCCCGCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCC<br>CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGACCCAGACCTACATCTGCAA<br>CGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTG<br>ACAAAACCTCACACATGCCACCGTGGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTC<br>TTCTCTTCCCCCAAACCCAAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTAC<br>ATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAGCCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG<br>ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACG<br>TACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCTGCACCAAGGACTGGTGAATGGCAAGGAGTA<br>CAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAG<br>CCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTTCCCCCATCCCGGAGGAGATG<br>ACCAAGAACCAGGTGAGCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGC<br>CGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCTCCCGTGC<br>TGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGG<br>CAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACAC<br>GCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCGGGTTGA                                    |
| 435    | 23B3 IgG1.1f<br>중쇄 (C-말단 K                           | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTTTCATTATTAGTGGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

[1187]



| SEQ ID | 설명                                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|--------|-------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        | 부제)                                                         | GGATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAAGGACACAG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCTGTACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTCT<br>GCACCAAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                        |
| 439    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.1f (G6E,<br>D79Y) 중쇄 (C-<br>말단 K 부제) | CAGGTGCAGCTGGTGAATCTGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTTTCATTCATTAGTGGTAGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAAGGACACAG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCTGTACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTCT<br>GCACCAAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAAGCAGCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCCTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 225    | TIM3.10 (13A3)<br>IgG1.3f (N60Q)<br>중쇄                      | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTGGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACC<br>TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACAGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCTGTACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |

[1188]

| SEQ ID | 설명                                     | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|--------|----------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                        | ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCCTCCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACATAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 226    | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.3f (N60S)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCCGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACTCACCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCT<br>GCACCGAGGACTGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACATAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGTA<br>AATGA |
| 227    | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.3f (N60A)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCCGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACGCACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCTTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACATAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGTA<br>AATGA                                                          |

[1189]

| SEQ ID | 설명                                      | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|--------|-----------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 228    | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.3f (D101E)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCCAC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACAGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGAACCCCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGCGGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGACCTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAACGTCTCACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |
| 229    | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.3f (P102V)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCCAC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACAGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACGTATGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGCGGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGACCTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |
| 230    | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.3f (P102Y)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCCAC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACAGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGCGGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGACCTGCCCTCCAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           |

[1190]

| SEQ ID | 설명                                              | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|--------|-------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                 | CAGCTTGGGACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCT<br>GCACCGAGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCCCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAATAACAAGACCAGCCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| 231    | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.3f (P102L)<br>중쇄         | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCCACGGTGAATACGCCCACTGGTTTCGACCTATGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTACACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GGTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCT<br>GCACCGAGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCCCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAATAACAAGACCAGCCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA |
| 232    | TIM3.17 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/P102Y)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACC<br>TACTACCAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCCACGGTGAATACGCCCACTGGTTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTACACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCC AAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCGTCCT<br>GCACCGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCCCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG                                                                                                                                                                                                     |

[1191]



| SEQ ID | 설명                                              | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|--------|-------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                 | AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
| 357    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACCC<br>TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCCTACGGTGAAGTACGCCCACTGGTTCGAACCTGGGGCCAGGGAAACCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGAACCTGCCCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGGCACCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTACCGTCTC<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGAGCCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                            |
| 233    | TIM3.8 (8B9)<br>IgG1.3f (S61P)<br>중쇄            | CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCACTACTGGAAGTGGATCCGGCAGC<br>CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGGGAAGCACCACCTAC<br>AATCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA<br>CTGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAGCT<br>AGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTG<br>GGAAGTCAAGCGCCCTGACAGCGCGTGCACACCTTCCCGGTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCCGTAGTCTTCTCTTCCCCCAAACCCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGAC<br>CCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGACGGCTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCAGCTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCTGCACAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCAGGTGTACACCTGCCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGACATCGCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCA<br>CGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAATGA |
| 234    | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.3f (A108T)<br>중쇄           | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGAAGTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTGGTGGTGGTAGTACCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCGCT<br>GTTCTGCAATGAACAGCCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGCTATAGCAGTGGCTGGTACTACTACGGTATGGAGCTCTGGGGCCAAGGGACACG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |

[1192]

| SEQ ID | 설명                         | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
|--------|----------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                            | CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCC<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAAGGTGAGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAATACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTA<br>AATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| 432    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.3f 중쇄 | CAGGTGCACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCTGTACAGCCTTCAGTACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG<br>GGCTGGAGTGGTTATCATACATTAGTAATAGTGGTAGTATCATATACTACGCAGACTCT<br>GTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCAGTGTATCTGCAAAAT<br>GAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGCGAATTGGTT<br>TTTTGTACTACTGGGGCCCGGAACCTGGTCAACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGC<br>CCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCT<br>GGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTGCTGGAACCTCAGGCG<br>CCTGACAGCGGGCGTGACACCTTCCCGGTGTCTTACAGTCTCCTCAGGACTCTACTCC<br>CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA<br>CGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTG<br>ACAAACTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTC<br>TTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTAC<br>ATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAGCCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG<br>ACGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACG<br>TACCCTGTGGTCAAGCTCTCACCCTCTGACACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA<br>CAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAG<br>CCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCATCCCGGGAGGAGATG<br>ACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGC<br>CGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGAGACAACACTACAAGACCACGCTCCCGTGC<br>TGGACTCCGACGGCTCTTCTCTCTATAGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGG<br>CAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACAC<br>GCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAAATGA |
| 436    | 23B3 IgG1.3f<br>중쇄         | CAGGTGCAGCTGGTGGGATCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCTGTGACGCTCTGGATTACCTTCAGTACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTTTCATTATTAGTGGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GGATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAGGGACACG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCTCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCACCCTCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG                                                                                                                                                                                                                                                                                        |

[1193]

| SEQ ID | 설명                                              | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|--------|-------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                 | TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACAGACACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAATGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| 440    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.3f (G6E, D79Y) 중쇄        | CAGGTGCAGCTGGTGAATCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTTTCATTAGTGGTAGTGGTAGTATCATATACATACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACTGTATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAGGTACCCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGGCTGCACACCTTCCCGGCTGTCTCAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCCACCGTGCCCAACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCGTCTCACCGTCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTGTACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACAGACACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTAATGA |
| 235    | TIM3.10 (13A3)<br>IgG1.3f (N60Q) 중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCTCACCTGCAGTGTCTTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACTTACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCAAGTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACACACGGCTGTGTATTATTGTGCGACAGGGGGGCCCTACGGTACTACGCCCACTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAAACCTGTGTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGGAACTCAGGCGCCCTGACCAGCGGGCTGCACACCTTCCCGCTGTCTCAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCAACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCGTCTCACCGTCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACCAAGGTGTACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACAACACAGACACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTTGA     |
| 236    | TIM3.11 (13A3)<br>IgG1.3f (N60S)                | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCTCACCTGCAGTGTCTTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCCGCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACTTACTACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |

[1194]

| SEQ ID | 설명                                                  | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|--------|-----------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 237    | 중쇄 (C-말단 K 부재)                                      | GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTTCAGCCCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAAGTCAAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAGAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCT<br>GCACCAAGGATGGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                        |
|        | TIM3.12 (13A3)<br>IgG1.3f (N60A)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)  | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CAGCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTAGCACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCCGTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTTCAGCCCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAAGTCAAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAGAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGTACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCT<br>GCACCAAGGACTGGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
|        | TIM3.13 (13A3)<br>IgG1.3f (D101E)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCCTGTCCCT<br>CACCTGCAGTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTACCATATCCGTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTTCGAACCTGGGGCCAGGGAACCCCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAAGTCAAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAGAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGACGTGAGCCACGAAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |

[1195]



| SEQ ID | 설명                                                  | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
|--------|-----------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                     | ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCCTCACCCTCCT<br>GCACCCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| 239    | TIM3.14 (13A3)<br>IgG1.3f (P102V)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACGTATGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGCTCAGTCTTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTGACCGTCCTCACCCTCCT<br>GCACCGAGGACTGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCGTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br>GA |
| 240    | TIM3.15 (13A3)<br>IgG1.3f (P102Y)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACCTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACAACCCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCCGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGCTCAGTCTTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGAGCTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTGACCGTCCTCACCCTCCT<br>GCACCGAGGACTGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGT<br>GA  |

[1196]

| SEQ ID | 설명                                                          | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------|-------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 241    | TIM3.16 (13A3)<br>IgG1.3f (P102L)<br>중쇄 (C-말단 K 부재)         | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACCC<br>TACTACAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACAGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACCTATGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTGACGCTCCTCACCGTCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA  |
| 242    | TIM3.17 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/P102Y)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACCC<br>TACTACCAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACAGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGACTACTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGTCAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTGACGCTCCTCACCGTCT<br>GCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGACGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 358    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/D101E)<br>중쇄 (C-말단 K 부재) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATCC<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTACCC<br>TACTACCAACCCGTCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACAGGCTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTGACTACGCCCACTGGTTCGAAACCTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |

[1197]

| SEQ ID | 설명                                                                     | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
|--------|------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                                        | CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCGTCTCT<br>GCACCGAGGTGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 374    | TIM3.18 (13A3)<br>IgG1.3f<br>(N60Q/D101E)<br>(T168C) 중쇄<br>(C-말단 K 부제) | CAGCTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGCAGTAGAAGTTACTACTGGGGCTGGATT<br>GCCAGCCCCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGATTGGGAGTATCTATTATAGTGGGTTCACC<br>TACTACCAACCGTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCCGTTGACACGTCCAAGAACCA<br>GTTCTCCCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCCGACAGACCGGTGTGTATTATTGTGCGA<br>CAGGGGGGCCCTACGGTACTACGCCCACTGGTTCGAACCTTGGGGCCAGGGAACCTG<br>GTACCGTCTCTCTCAGTAGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCAGCCTCTCT<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCC<br>GGTGTCTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAAGAGAGTTGAGCCCAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCACCGTCTCT<br>GCACCGAGGTGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 243    | TIM3.8 (8B9)<br>IgG1.3f (S61P)<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제)                    | CAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCTGTCCCT<br>CAGCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCATCAGTCGTCACTACTGGAAGTGGATCCGGCAGC<br>CCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATTGGGTATATCCATTACAGTGGGAAGCACCACCTAC<br>AATCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTC<br>CCTGAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATA<br>CTGGGTACTACGGTATGGACATCTGGGGCCAAGGGACCAGGTACCCGTCTCTCTCAGCT<br>AGCACCAGGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCTCCAAGAGCACCTCTGGGGG<br>CACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTCTGT<br>GGAAGTCAAGCGCCCTGACCAGCGCGTGCACACCTTCCCGGCTGTCTTACAGTCTCTCA<br>GGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGAC<br>CTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAGGTGGACAAGAGAGTTGAGC<br>CCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGG<br>GCCCCGTGAGTCTTCTCTTCCCCCAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGAC<br>CCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCA<br>ACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAG<br>TACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAAGCTCTCAGCGTCTCAGCGTCTGACCCAGGACTGGCTGAA<br>TGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAA<br>CCATCTCCAAGGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTGCCCCCATCC<br>CGGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCC<br>CAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGGAGAACCACTACAAGACCA                                                                                                                                                                                     |

[1198]

| SEQ ID | 설명                                                   | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------|------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                      | CGCCTCCCGTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGAC<br>AAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCA<br>CAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGTTGA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| 244    | TIM3.7 (9F6)<br>IgG1.3f (A108T)<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제) | CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTTTCATTATTAGTGGTGGTGGTAGTACCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCGCT<br>GTTTCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGTCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ATGGCTATAGCAGTGGCTGGTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGAAGTCAAGCGCCCTGACCAGCGGCGTGCACACCTTCCCC<br>GCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGCTCAGTCTTCTTCCCCCAAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCCGACCCCTGAGGTGACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCT<br>GCACAGGACTGGGTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCCACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCCGGAGGAGATGACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCT<br>GGTCAAGGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCGAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCAGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 433    | TIM3.24/14H7<br>IgG1.3f 중쇄 (C-<br>말단 K 부제)           | CAGGTGCACCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTACAGCCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGGCTCCAGGGAAGG<br>GGCTGGAGTGGTTATCATACATTAGTAATAGTGGTAGTATCATATACTACGCAGACTCT<br>GTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCAGTGTATCTGCAAAAT<br>GAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGGCGAATTGGTT<br>TTTTTGACTACTGGGGCCCGGAACCTGGTCAACGTCTCCTCAGCTAGCAACAGGGC<br>CCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTCCAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCT<br>GGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCGAACCGGTGACGGTGTGCTGGAACTCAGGCG<br>CCTGACCAAGCGGGCTGCACACCTTCCCGGTCTCCTTACAGTCTCTCAGGACTTACTCC<br>CTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAGCAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAA<br>CGTGAATCACAAGCCAGCAACACCAAGGTGGACAAGAGATTGAGCCCAAATCTTGTG<br>ACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCAGCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCGCTCAGTC<br>TTCTCTTCCCCCAAAAACCAAGGACACCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTGAC<br>ATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGG<br>ACGGCGTGGAGGTGCATAATGCCAAGACAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACG<br>TACCGTGTGGTCAAGCTCCTCACCCTCCTGCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTA<br>CAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAG<br>CCAAAGGGCAGCCCCGAGAACCACAGGTGTACACCTTCCCCCATCCCCGGGAGGAGATG<br>ACCAAGAACCAGGTGAGCCTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGC<br>CGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCGAGCCGAGAACAACTACAAGACCAGCCTCCCGTGC<br>TGGACTCCGACGGCTCCTTCTTCTCTATAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGG<br>CAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACAC<br>GCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTTGA                                    |
| 437    | 23B3 IgG1.3f<br>중쇄 (C-말단 K<br>부제)                    | CAGGTGCAGCTGGTGGGATCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGGCTGGAATGGGTTTCATTATTAGTGGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GGATCTGCAAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |



| SEQ ID | 설명                                                                      | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|--------|-------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                                                                         | AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTTACAGTCTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTCACTCTTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCT<br>GCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAAGAAACCATCTCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| 441    | TIM3.25 (23B3)<br>IgG1.3f (G6E,<br>D79Y) 중쇄 (C-<br>말단 K 부제)             | CAGGTGCAGCTGGTGAATCTGGGGGAGGCTTGGTCAAGCCTGGAGGGTCCCTGAGACT<br>CTCCTGTGCAGCCTCTGGATTACCTTCAGTGACTACTACATGAGCTGGATCCGCCAGG<br>CTCCAGGGAAGGGCTGGAATGGGTTTCATTCTATTAGTGGTAGTGGTAGTATCATATAC<br>TACGCAGACTCTGTGAAGGGCCGATTACCATCTCCAGGGACAACGCCAAGAACTCACT<br>GTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAG<br>ACGGTATGGTTCGGGGAATGAACCTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACACG<br>GTCACCGTCTCCTCAGCTAGCACCAAGGGCCATCGGTCTTCCCCCTGGCACCCTCCTC<br>CAAGAGCACCTCTGGGGGCACAGCGGCCCTGGGCTGCCTGGTCAAGGACTACTTCCCCG<br>AACCGGTGACGGTGTCTGTGGAACCTCAGGCGCCCTGACCAGCGGGCTGCACACCTTCCCG<br>GCTGTCTTACAGTCTCAGGACTCTACTCCCTCAGCAGCGTGGTGACCGTGCCCTCCAG<br>CAGCTTGGGCACCCAGACCTACATCTGCAACGTGAATCACAGCCAGCAACACCAAGG<br>TGGACAAGAGAGTTGAGCCCAAATCTTGTGACAAAACCTCACACATGCCACCGTGCCCA<br>GCACCTGAAGCCGAAGGGGCCCCGTCACTCTTCTTCCCCCAAAACCAAGGACAC<br>CCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTGGACGTGAGCCACGAAG<br>ACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGTGCATAATGCCAAGACA<br>AAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGCGTCTCACCCTCCT<br>GGACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCCAACAAAGCCCTCC<br>CAGCCCCCATCGAAGAAACCATCTCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGAGAACACAGGTG<br>TACACCTGCCCCCATCCCGGAGGAGATGACCAAGAACAGGTGAGCTGACCTGCCT<br>GGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAATGGGCAGCCGG<br>AGAACAACCTACAAGACCACGCTCCCGTGGTGGACTCCGACGGCTCTTCTTCTCTAT<br>AGCAAGCTCACCCTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCATGCTCCGT<br>GATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCCCCGGGTT<br>GA |
| 162    | TIM3.5 (13A3),<br>TIM3.2 (17C3),<br>TIM3.4 (3G4),<br>TIM3.25 IgG1<br>경쇄 | GAAATTGTGTGACGCAGTCTCCAGGCACCTGTCTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCAC<br>CCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGA<br>AACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC<br>CCAGACAGGTTCACTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT<br>GGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTGACGAGTATGGTAGCTCACCGATCACCT<br>TCGGCCAAAGGACACGACTGGAGATTAAACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATC<br>TTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACCTGCCTCTGTTGTGTGCTGCTGAA<br>TAACTTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGG<br>GTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACTACAGCCTCAGC<br>AGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT<br>CACCCATCAGGGCTGAGCTCGCCGTCAAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |
| 163    | 8B9, TIM3.6<br>(8C4), TIM3.9<br>(17C8) IgG1<br>경쇄                       | GAAATTGTGTGACGCAGTCTCCAGGCACCTGTCTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCAC<br>CCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTAGCAGCAGCTACTTAGCCTGGTACCAGCAGA<br>AACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC<br>CCAGACAGGTTCACTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT<br>GGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTACTGTGACGAGTATGGTAGCTCACCGATCACCT<br>TCGGCCAAAGGACACGACTGGAGATTAAACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATC<br>TTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAACCTGCCTCTGTTGTGTGCTGCTGAA<br>TAACTTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGG<br>GTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACTACAGCCTCAGC<br>AGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACAAAGTCTACGCCTGCGAAGT<br>CACCCATCAGGGCTGAGCTCGCCGTCAAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |

[1200]

| SEQ ID | 설명                        | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------|---------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                           | TAACCTTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGG<br>GTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC<br>AGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGT<br>CACCCTATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| 165    | 9F6 VK1 IgG1<br>경쇄        | GCCATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCA<br>CATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGCAGTGCTTTAGCCTGGTATCAGCAGAAAC<br>CAGGGAAGGCTCCTAAGCTCCTGATCTATGATGCCTCCAGTTTGGAAAGTGGGGTCCCA<br>TCAAGGTTGACGGCAGTGGATCTGGGACAGATTCTACTCTCACCATCAGCAGCCTGCA<br>GCCTGAAGATTTTGCACTTATTACTGTCAACAGTTTAATAGTTACCTCGGACGTTTCG<br>GCCAAGGGACCAAGGTGGAAATCAAACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC<br>CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAA<br>CTTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTA<br>ACTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC<br>ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGTCAC<br>CCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG    |
| 166    | 9F6 VK2 IgG1<br>경쇄        | GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCAC<br>CCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTAGCAGCAGTACTTAGCCTGGTACCAGCAGA<br>AACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGTTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC<br>CCAGACAGGTTCACTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT<br>GGAGCCTGAAGATTTTGCACTGTATTACTGTGACAGTATGGTAGCTCACTCACTTTTCG<br>GCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATCTTC<br>CCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAATAA<br>CTTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGGGTA<br>ACTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGCAGC<br>ACCCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGTCAC<br>CCATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG   |
| 164    | 9F6 VK3 IgG1<br>경쇄        | GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCAC<br>CCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTAGCAGCAGTACTTAGCCTGGTACCAGCAGA<br>AACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGTTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC<br>CCAGACAGGTTCACTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT<br>GGAGCCTGAAGATTTTGCACTGTATTACTGTGACAGTATGGTAGCTCACCCTCACTT<br>TCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGTACGGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATC<br>TTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAA<br>TAACCTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGG<br>GTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC<br>AGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGT<br>CACCCTATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGTAG |
| 442    | TIM3.24 (14H7)<br>IgG1 경쇄 | GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCAC<br>CCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTAGCAGCAGTACTTAGCCTGGTACCAGCAGA<br>AACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGTTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC<br>CCAGACAGGTTCACTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT<br>GGAGCCTGAAGATTTTGCACTGTATTACTGTGACAGTATGGTAGCTCACCCTCACTT<br>TCGGCCCTGGGACCAAGTGGATATCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATC<br>TTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAA<br>TAACCTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGG<br>GTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC<br>AGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGT<br>CACCCTATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT    |
| 443    | 23B3 IgG1 경쇄<br>(VK1)     | GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCAC<br>CCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTAGCAGCAGTACTTAGCCTGGTACCAGCAGA<br>AACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGTTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC<br>CCAGACAGGTTCACTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT<br>GGAGCCTGAAGATTTTGCACTGTATTACTGTGACAGTATGGTAGCTCACCCTCACTT<br>TCGGCCAGGGACACGACTGGAGATTAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATC<br>TTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAA<br>TAACCTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGG<br>GTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC<br>AGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGT<br>CACCCTATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT     |

| SEQ ID | 설명                    | 서열                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|--------|-----------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|        |                       | AGCACCTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGT<br>CACCCTATCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| 444    | 23B3 IgG1 경쇄<br>(VK2) | GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAGAGCCAC<br>CCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTAGCAGCAGTACTTAGCCTGGTACCAGCAGA<br>AACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGTTGCATCCAGCAGGGCCACTGGCATC<br>CCAGACAGGTTCACTGGCAGTGGGTCTGGGACAGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACT<br>GGAGCCTGAAGATTTTGCACTGTATTACTGTGACAGTATGGTAGCTCACCCTCACTT<br>TCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGATCAAACGAACTGTGGCTGCACCATCTGTCTTCATC<br>TTCCCGCCATCTGATGAGCAGTTGAAATCTGGAAGTGCCTCTGTTGTGTGCCTGCTGAA<br>TAACCTCTATCCAGAGAGGCCAAAGTACAGTGAAGGTGGATAACGCCCTCCAATCGG<br>GTAACCTCCAGGAGAGTGTACAGAGCAGGACAGCAAGGACAGCACCTACAGCCTCAGC<br>CTGACGCTGAGCAAAGCAGACTACGAGAAACACAAAGTCTACGCCCTGCGAAGTCACCA<br>TCAGGGCCTGAGCTCGCCCGTCACAAAGAGCTTCAACAGGGGAGAGTGT |

본 개시내용의 실시는 달리 나타내지 않는 한, 관련 기술분야의 통상의 기술 내인 세포 생물학, 세포 배양, 분자 생물학, 트랜스제닉 생물학, 미생물학, 재조합 DNA 및 면역학의 통상적인 기술을 사용할 것이다. 이러한 기술은 문헌에 상세하게 설명되어 있다. 예를 들어, 문헌 [Sambrook et al., ed. (1989) Molecular Cloning A Laboratory Manual (2nd ed.; Cold Spring Harbor Laboratory Press); Sambrook et al., ed. (1992)

Molecular Cloning: A Laboratory Manual, (Cold Springs Harbor Laboratory, NY); D. N. Glover ed., (1985) DNA Cloning, Volumes I and II; Gait, ed. (1984) Oligonucleotide Synthesis; 미국 특허 번호 4,683,195 (Mullis et al.); Hames and Higgins, eds. (1984) Nucleic Acid Hybridization; Hames and Higgins, eds. (1984) Transcription And Translation; Freshney (1987) Culture Of Animal Cells (Alan R. Liss, Inc.); Immobilized Cells And Enzymes (IRL Press) (1986); Perbal (1984) A Practical Guide To Molecular Cloning; the treatise, Methods In Enzymology (Academic Press, Inc., N.Y.); Miller and Calos eds. (1987) Gene Transfer Vectors For Mammalian Cells, (Cold Spring Harbor Laboratory); Wu et al., eds., Methods In Enzymology, Vols. 154 and 155; Mayer and Walker, eds. (1987) Immunochemical Methods In Cell And Molecular Biology (Academic Press, London); Weir and Blackwell, eds., (1986) Handbook Of Experimental Immunology, Volumes I-IV; Manipulating the Mouse Embryo, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., (1986); ); Crooks, Antisense drug Technology: Principles, strategies and applications, 2<sup>nd</sup> Ed. CRC Press (2007) 및 Ausubel et al. (1989) Current Protocols in Molecular Biology (John Wiley and Sons, Baltimore, Md.)을 참조한다.

- [1204] 상기 인용된 모든 참고문헌, 뿐만 아니라 본원에 인용된 모든 참고문헌은 그 전문이 본원에 참조로 포함된다.
- [1205] 하기 실시예는 예시로서 및 제한 없이 제공된다.
- [1206] 실시예
- [1207] 실시예 1 항-TIM3 항체 단독요법
- [1208] 선택된 진행성 고형 종양을 갖는 환자에서 단일 작용제로서 투여하는 TIM3 항체의 임상 연구를 수행할 것이다. 투여 후 환자 진행을 평가할 것이다.
- [1209] 실시예 2 항-TIM3 항체 조합 요법
- [1210] 선택된 진행성 고형 종양을 갖는 환자에서 항-PD1 항체, 예를 들어 니볼루맙과 조합하여 투여하는 TIM3 항체의 임상 연구를 수행할 것이다. 투여 후 환자 진행을 평가할 것이다.
- [1211] 실시예 3 니볼루맙과의 항-TIM3 항체 조합 요법
- [1212] 선택된 진행성 고형 종양을 갖는 환자에서 항-PD1 항체, 예를 들어 니볼루맙과 조합하여 투여하는 TIM3 항체의 1상/2상 임상 연구는 진행중이다. 이러한 연구의 목적은 항-TIM3 항체 그 자체 및 항-PD-1 항체 (예를 들어, 니볼루맙)와의 조합 둘 다가 진행성 악성 종양의 치료에서 안전하고 내약성이 있는지 여부를 결정하는 것이다.
- [1213] 이러한 비차폐, 비-무작위화 연구의 1차 결과 척도는 유해 사건 (AE)의 발생률, 심각한 유해 사건 (SAE)의 발생률, 중단 및 사망에 이르는 AE의 발생률, 및 프로토콜 규정된 용량-제한 독성 (DLT) 기준을 충족시키는 AE의 발생률을 포함한다. 1차 결과 척도를 대략 2년에 걸쳐 모니터링할 것이다.
- [1214] 2차 결과 척도는 객관적 반응률 (ORR), 종양 반응 지속기간 (mDOR), 무진행 생존율 (PFSR), 최대 관찰 혈청 농도 ( $C_{max}$ ), 최대 관찰 혈청 농도의 시간 ( $T_{max}$ ), 제0 시점에서 마지막 정량화가능한 농도 시점까지의 혈청 농도-시간 곡선하 면적 [ $AUC(0-T)$ ], 투여 간격의 종료시의 관찰 농도 ( $C_{tau}$ ), 한 투여 간격에서의 혈청 농도-시간 곡선하 면적 [ $AUC(TAU)$ ], 투여 간격의 종료시의 최저 관찰 혈청 농도 ( $C_{trough}$ ), 주입의 종료시의 농도 ( $C_{eoi}$ ), 및 항-TIM3 항체에 대한 항-약물 항체 (ADA)의 발생률을 포함한다. 2차 결과 척도 ORR, mDOR 및 PFSR은 최대 12개월의 치료 동안 측정될 것이고,  $C_{max}$ ,  $T_{max}$ ,  $AUC(0-T)$ ,  $C_{tau}$ ,  $AUC(TAU)$ ,  $C_{trough}$ ,  $C_{eoi}$  및 ADA는 대략 2년 동안 측정될 것이다.
- [1215] 임상 연구는 다음 2가지 부문을 갖는다: 부문 A 및 부문 B. 부문 A에서의 대상체에게는 항-TIM3 항체 단독요법을 명시된 날에 명시된 용량으로 투여한다. 부문 B에서의 대상체에게는 항-TIM3 항체와 항-PD-1 항체 (예를 들어, 니볼루맙) 조합 요법을 투여하며, 여기서 항-TIM3 항체를 특정 일에 특정 용량으로 투여하고, 항-PD-1 항체 (예를 들어, 니볼루맙)를 특정 일에 특정 용량으로 투여한다.
- [1216] 적격 대상체는 측정가능한 질환, 생검이 가능한 적어도 하나의 병변, 및 0 또는 1의 동부 협동 종양학 그룹 수행 상태를 갖는 진행성 (전이성, 재발성 및/또는 절제불가능한) 고형 종양의 조직학적 또는 세포학적 확인을 갖는 18세 이상인 남성 및 여성을 포함한다. 참여자는 고형 종양 조직학에 따른 진행성 또는 전이성 세팅에서 적어도 1종의 표준 치료 요법을 받은 다음, 진행되었거나, 재발되었거나 또는 그에 대해 불내성이었어야 한다.

[1217] 배제 기준은 활성, 기지의 또는 의심되는 자가면역 질환을 갖는 참여자; 선행 항암 요법의 마지막 용량 및 연구 요법의 개시로부터 적어도 4주가 경과하지 않은 한, 세포독성제에 의한 치료; 및 공동 개입을 필요로 하는 또 다른 활성 악성종양을 갖는 참여자를 포함한다. 다른 프로토콜 규정된 포함/배제 기준이 적용될 수 있다.

[1218] 본 PCT 출원은 2018년 1월 16일에 출원된 미국 가출원 번호 62/617,828; 2018년 1월 17일에 출원된 62/618,561; 및 2018년 2월 21일에 출원된 62/633,477의 우선권 이익을 주장하며, 이들 각각은 그 전문이 본원에 참조로 포함된다.

## 서열 목록

### SEQUENCE LISTING

<110> BRISTOL-MYERS SQUIBB COMPANY

<120> METHODS OF TREATING CANCER WITH ANTIBODIES AGAINST TIM3

<130> 3338.117PC03/ELE/C-K/DKC

<150> US 62/617,828

<151> 2018-01-16

<150> US 62/618,561

<151> 2018-01-17

<150> US 62/633,477

<151> 2018-02-21

<160> 448

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 IgG1.1f HC

<400> 1

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

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

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 2

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> 8B9 IgG1.1f HC

<400> 2

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys

50                                      55                                      60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65                                      70                                      75                                      80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85                                      90                                      95  
 Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
 100                                      105                                      110  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
 115                                      120                                      125  
  
 Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
 130                                      135                                      140  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
 145                                      150                                      155                                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
 165                                      170                                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
 180                                      185                                      190  
  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
 195                                      200                                      205  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
 210                                      215                                      220  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val  
 225                                      230                                      235                                      240  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
 245                                      250                                      255  
  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
 260                                      265                                      270  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
 275                                      280                                      285  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
 290                                      295                                      300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile  
325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
340 345 350

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
405 410 415

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 3

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 IgG1.1f HC

<400> 3

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys



50                      55                      60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65                      70                      75                      80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
                     85                      90                      95  
 Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
                     100                      105                      110  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
  
                     115                      120                      125  
 Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
                     130                      135                      140  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
 145                      150                      155                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
                     165                      170                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
  
                     180                      185                      190  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
                     195                      200                      205  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
                     210                      215                      220  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val  
 225                      230                      235                      240  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
  
                     245                      250                      255  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
                     260                      265                      270  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
                     275                      280                      285  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
                     290                      295                      300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

435 440 445

<210> 4

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 IgG1.1f HC

<400> 4

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

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Arg Gly Asp Ser Ile Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 50                                                              | 55  | 60  |
| Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr |     |     |
| 65                                                              | 70  | 75  |
| Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys |     |     |
| 85                                                              | 90  | 95  |
| Ala Arg Asp Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val |     |     |
| 100                                                             | 105 | 110 |
|                                                                 |     |     |
| Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |
|                                                                 |     |     |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |
| Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |
| Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 |
|                                                                 |     |     |
| Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |
| Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |
| Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |
| Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325 330 335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
 450

<210> 5

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG1.1f HC

<400> 5

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

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

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

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser



290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
                          325                      330                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
                          340                      345                      350  
  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
                          355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
                          370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
                          405                      410                      415  
  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
                          420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
                          435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
                          450  
 <210> 6  
 <211> 454  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 3G4 IgG1.1f HC  
 <400> 6  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val |     |     |     |
| 50                                                              | 55  | 60  |     |
| Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr |     |     |     |
| 65                                                              | 70  | 75  | 80  |
|                                                                 |     |     |     |
| Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys |     |     |     |
| 85                                                              | 90  | 95  |     |
| Ala Arg Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp |     |     |     |
| 100                                                             | 105 | 110 |     |
| Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys |     |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
|                                                                 |     |     |     |
| Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr |     |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |     |
| Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val |     |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
|                                                                 |     |     |     |
| Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
|                                                                 |     |     |     |
| Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn  
290 295 300

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp  
305 310 315 320

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro  
325 330 335

Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu  
340 345 350

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn  
355 360 365

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile  
370 375 380

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr  
385 390 395 400

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys  
405 410 415

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys  
420 425 430

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu  
435 440 445

Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 7

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 IgG1.1f HC

<400> 7

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                      310                      315                      320  
  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325                      330                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370                      375                      380  
  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435                      440                      445  
  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 8  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400> 8  
 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 Arg



20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
 100 105 110  
  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 9

<211> 446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 9

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
145 150 155 160

Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
165 170 175

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
180 185 190

Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
195 200 205

Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
210 215 220

Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val  
225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu

260 265 270  
Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
275 280 285

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

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

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
420 425 430  
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
435 440 445

<210> 10

<211> 446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 10

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr

20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

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

115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145 150 155 160

Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser

165 170 175

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser

180 185 190

Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn

195 200 205

Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu



260 265 270  
Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285  
Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300  
Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320  
Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335  
Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350  
Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu

355 360 365  
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380  
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400  
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415  
Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430  
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

<210> 11

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 11

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

[illegible]

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

245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325                      330                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
  
 370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
  
 435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly  
 450  
 <210> 13  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 3G4 IgG1.1f HC (no C-terminal K)



<400> 13

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp

100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys

115 120 125

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

130 135 140

Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro

145 150 155 160

Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr

165 170 175

Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val

180 185 190

Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn

195 200 205

Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro

210 215 220

Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu

225 230 235 240

Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp  
245 250 255

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp  
260 265 270

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly  
275 280 285

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn  
290 295 300

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp  
305 310 315 320

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro  
325 330 335

Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu  
340 345 350

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn  
355 360 365

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile  
370 375 380

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr  
385 390 395 400

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys  
405 410 415

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys  
420 425 430

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu  
435 440 445

Ser Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 14

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 14

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225                      230                      235                      240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
                          245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
                          260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
  
                          275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
                          290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
                          325                      330                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
  
                          340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
                          355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
                          370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
  
                          405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
                          420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
                          435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly  
                          450  
 <210> 15  
 <211> 453  
 <212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 IgG1.3f HC

<400> 15

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 Arg

20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125  
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly

130 135 140  
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160  
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175  
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190  
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205  
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220



Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240  
Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255  
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270  
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285  
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300  
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320  
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
325 330 335  
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445  
Leu Ser Pro Gly Lys  
450  
<210  
> 16

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG1.3f HC

<400> 16

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His

20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

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

115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145 150 155 160

Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser

165 170 175

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser

180 185 190

Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn

195 200 205

Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His

210                      215                      220  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val  
 225                      230                      235                      240  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
  
                     245                      250                      255  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
                     260                      265                      270  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
                     275                      280                      285  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
                     290                      295                      300  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
  
 305                      310                      315                      320  
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile  
                     325                      330                      335  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
                     340                      345                      350  
 Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
                     355                      360                      365  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
  
 370                      375                      380  
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 385                      390                      395                      400  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
                     405                      410                      415  
 Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
                     420                      425                      430  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
  
                     435                      440                      445  
 <210> 17  
 <211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 IgG1.3f HC

<400> 17

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr

20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

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

115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145 150 155 160

Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser

165 170 175

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser

180 185 190

Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn

195 200 205

Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val  
225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
260 265 270

Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile  
325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
340 345 350

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
405 410 415

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 18

<211> 453

<212> PRT



<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 IgG1.3f HC

<400> 18

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

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Arg Gly Asp Ser Ile Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 19

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG1.3f HC

<400> 19

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 20

<211> 454

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 IgG1.3f HC

<400> 20

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr

65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95  
Ala Arg Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp

100 105 110  
Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys

115 120 125  
Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly

130 135 140  
Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro

145 150 155 160  
Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr

165 170 175  
Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val

180 185 190



Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn

195 200 205

Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro

210 215 220

Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu

225 230 235 240

Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp

245 250 255

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp

260 265 270

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly

275 280 285

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn

290 295 300

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp

305 310 315 320

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro

325 330 335

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu

340 345 350

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys

405 410 415

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys

420 425 430

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu

435 440 445

Ser Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 21

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 IgG1.3f HC

<400> 21

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190  
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205  
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220  
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240  
Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255  
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270  
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285  
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300  
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320  
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335  
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445  
Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 22

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 22

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445  
Leu Ser Pro Gly

450

<210> 23

<211> 446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 23

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His

20 25 30  
Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45  
Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys

50 55 60  
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80  
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95  
Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110  
Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu

115 120 125  
Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130 135 140



Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145 150 155 160

Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser

165 170 175

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser

180 185 190

Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn

195 200 205

Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385                      390                      395                      400  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
  
                     405                      410                      415  
 Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
                     420                      425                      430  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
                     435                      440                      445  
 <210> 24  
 <211> 446  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 8C4 IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
 <400> 24  
 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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr  
                     20                      25                      30  
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
                     35                      40                      45  
 Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
                     50                      55                      60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65                      70                      75                      80  
  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
                     85                      90                      95  
 Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
                     100                      105                      110  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
                     115                      120                      125  
 Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
                     130                      135                      140

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

|            |                                   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
|------------|-----------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|--|--|--|
| 385        | 390                               |     |     |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     |     |     | 400 |  |  |  |  |  |  |
| Asp        | Gly                               | Ser | Phe | Phe | Leu | Tyr | Ser | Lys | Leu | Thr | Val | Asp | Lys | Ser | Arg |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 405 |     |     |     | 410 |     |     |     | 415 |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Trp        | Gln                               | Gln | Gly | Asn | Val | Phe | Ser | Cys | Ser | Val | Met | His | Glu | Ala | Leu |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 420 |     |     |     | 425 |     |     |     | 430 |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| His        | Asn                               | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser | Pro | Gly |     |     |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 435 |     |     |     | 440 |     |     |     | 445 |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| <210>      | 25                                |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| <211>      | 452                               |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| <212>      | PRT                               |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| <213>      | Artificial Sequence               |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| <220><223> | 17C3 IgG1.3f HC (no C-terminal K) |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| <400>      | 25                                |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| 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  |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Tyr        | Met                               | His | Trp | Val | Arg | Gln | Ala | Pro | Gly | Gln | Gly | Leu | Glu | Trp | Met |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 35  |     |     |     | 40  |     |     |     | 45  |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Gly        | Ile                               | Ile | Asn | Pro | Arg | Gly | Asp | Ser | Ile | Ile | Tyr | Ala | Gln | Lys | Phe |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Gln        | Gly                               | Arg | Val | Thr | Met | Thr | Arg | Asp | Thr | Ser | Thr | Ser | Thr | Val | Tyr |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| 65         |                                   |     |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Met        | Glu                               | Leu | Ser | Ser | Leu | Arg | Ser | Glu | Asp | Thr | Ala | Val | Tyr | Tyr | Cys |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 85  |     |     |     | 90  |     |     |     | 95  |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Ala        | Arg                               | Asp | Phe | Tyr | Gly | Ser | Gly | Asn | Tyr | Tyr | Tyr | Gly | Met | Asp | Val |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 100 |     |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Trp        | Gly                               | Gln | Gly | Thr | Thr | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys | Gly |  |  |  |  |  |  |
|            |                                   |     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     | 125 |     |     |     |  |  |  |  |  |  |
| Pro        | Ser                               | Val | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Ser | Ser | Lys | Ser | Thr | Ser | Gly | Gly |  |  |  |  |  |  |

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

385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
                             405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
                             420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
                             435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly  
                             450  
 <210> 26  
  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 9F6 IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
 <400> 26  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
                             50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Phe  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                             85                      90                      95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
                             100                      105                      110  
  
 Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                             115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly



130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                          165                      170                      175  
  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                          180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
                          195                      200                      205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
                          210                      215                      220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225                      230                      235                      240  
  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
                          245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
                          260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
                          275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
                          290                      295                      300  
  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
                          325                      330                      335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
                          340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
                          355                      360                      365  
  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
                          370                      375                      380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445  
Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 27  
<211> 453  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 3G4 IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400> 27

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95

Ala Arg Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp  
100 105 110  
Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys  
115 120 125

Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly  
 130 135 140  
 Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro  
 145 150 155 160  
  
 Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr  
 165 170 175  
 Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val  
 180 185 190  
 Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn  
 195 200 205  
 Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro  
 210 215 220  
  
 Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu  
 225 230 235 240  
 Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp  
 245 250 255  
 Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp  
 260 265 270  
 Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly  
 275 280 285  
  
 Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn  
 290 295 300  
 Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp  
 305 310 315 320  
 Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro  
 325 330 335  
 Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu  
 340 345 350  
  
 Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn  
 355 360 365  
 Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile

370 375 380  
Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr  
385 390 395 400  
Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys  
405 410 415  
  
Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys  
420 425 430  
Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu  
435 440 445  
Ser Leu Ser Pro Gly  
450  
<210> 28  
<211> 452  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 17C8 IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400> 28  
Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
65 70 75 80  
  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |     |
|                                                                 | 165 | 170 | 175 |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |     |
|                                                                 | 180 | 185 | 190 |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr |     |     |     |
|                                                                 | 245 | 250 | 255 |
| Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val |     |     |     |
|                                                                 | 260 | 265 | 270 |
| Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala |     |     |     |
|                                                                 | 325 | 330 | 335 |
| Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro |     |     |     |
|                                                                 | 340 | 345 | 350 |
| Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln |     |     |     |
| 355                                                             | 360 | 365 |     |

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 29  
<211> 215  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223>  
13A3, 17C3, 3G4, 23B3, TIM3.25 LC  
<400> 29

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
20 25 30

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

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

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

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

Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
100 105 110



Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser

115 120 125  
Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
130 135 140  
Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser  
145 150 155 160  
Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
165 170 175  
Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val

180 185 190  
Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
195 200 205  
Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
210 215

<210> 30

<211> 215

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, 8C4, 17C8 LC

<400> 30

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

20 25 30  
Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
35 40 45  
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60  
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80  
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro

85 90 95  
 Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala  
 100 105 110  
 Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser  
 115 120 125  
 Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu  
 130 135 140  
 Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser

145 150 155 160  
 Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu  
 165 170 175  
 Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val  
 180 185 190  
 Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys  
 195 200 205  
 Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 210 215

<210> 31

<211> 215

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK3) LC

<400> 31

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

50 55 60  
 Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu

|            |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
|------------|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|----|--|
| 65         |                     |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     |     | 75  |     |     |     |  |  | 80 |  |
| Pro        | Glu                 | Asp | Phe | Ala | Val | Tyr | Tyr | Cys | Gln | Gln | Tyr | Gly | Ser | Ser | Pro |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 85  |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |  |  |    |  |
| Leu        | Thr                 | Phe | Gly | Gly | Gly | Thr | Lys | Val | Glu | Ile | Lys | Arg | Thr | Val | Ala |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |  |  |    |  |
| Ala        | Pro                 | Ser | Val | Phe | Ile | Phe | Pro | Pro | Ser | Asp | Glu | Gln | Leu | Lys | Ser |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |  |  |    |  |
| Gly        | Thr                 | Ala | Ser | Val | Val | Cys | Leu | Leu | Asn | Asn | Phe | Tyr | Pro | Arg | Glu |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 130 |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |  |  |    |  |
| Ala        | Lys                 | Val | Gln | Trp | Lys | Val | Asp | Asn | Ala | Leu | Gln | Ser | Gly | Asn | Ser |  |  |    |  |
| 145        |                     |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |  |  |    |  |
| Gln        | Glu                 | Ser | Val | Thr | Glu | Gln | Asp | Ser | Lys | Asp | Ser | Thr | Tyr | Ser | Leu |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 165 |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     | 175 |  |  |    |  |
| Ser        | Ser                 | Thr | Leu | Thr | Leu | Ser | Lys | Ala | Asp | Tyr | Glu | Lys | His | Lys | Val |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 180 |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     | 190 |  |  |    |  |
| Tyr        | Ala                 | Cys | Glu | Val | Thr | His | Gln | Gly | Leu | Ser | Ser | Pro | Val | Thr | Lys |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 195 |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     | 205 |  |  |    |  |
| Ser        | Phe                 | Asn | Arg | Gly | Glu | Cys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| 210        |                     |     |     |     | 215 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| <210>      | 32                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| <211>      | 214                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| <212>      | PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| <213>      | Artificial Sequence |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| <220><223> | 9F6 (VK1) LC        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| <400>      | 32                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| Ala        | Ile                 | Gln | Leu | Thr | Gln | Ser | Pro | Ser | Ser | Leu | Ser | Ala | Ser | Val | Gly |  |  |    |  |
| 1          |                     |     | 5   |     |     | 10  |     |     | 15  |     |     |     |     |     |     |  |  |    |  |
| Asp        | Arg                 | Val | Thr | Ile | Thr | Cys | Arg | Ala | Ser | Gln | Gly | Ile | Ser | Ser | Ala |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 20  |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     | 30  |  |  |    |  |
| Leu        | Ala                 | Trp | Tyr | Gln | Gln | Lys | Pro | Gly | Lys | Ala | Pro | Lys | Leu | Leu | Ile |  |  |    |  |
|            |                     |     |     |     | 35  |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     | 45  |  |  |    |  |
| Tyr        | Asp                 | Ala | Ser | Ser | Leu | Glu | Ser | Gly | Val | Pro | Ser | Arg | Phe | Ser | Glu |  |  |    |  |

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

<210> 33

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK2) LC

<400> 33

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

35 40 45  
Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser

50 55 60  
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80  
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Leu  
85 90 95  
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala  
100 105 110  
Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly

115 120 125  
Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala  
130 135 140  
Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln  
145 150 155 160  
Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser  
165 170 175  
Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr

180 185 190  
Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser  
195 200 205  
Phe Asn Arg Gly Glu Cys

210  
<210> 34  
<211> 123  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 VH  
<400> 34

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 35

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 VH

<400> 35

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His

20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala



85 90 95  
Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 36

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 VH

<400> 36

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr

20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Val Thr Val Ser Ser

115

<210> 37

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 VH

<400> 37

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

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Arg Gly Asp Ser Ile Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 38

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 VH

<400> 38

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

[illegible]

<400> 39

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60

|       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Lys   | Gly | Arg | Phe | Thr | Ile | Ser | Arg | Asp | Asn | Ala | Lys | Asn | Ser | Leu | Tyr |
|       |     |     |     | 70  |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 80  |     |
| Leu   | Gln | Met | Asn | Ser | Leu | Arg | Ala | Glu | Asp | Thr | Ala | Val | Tyr | Tyr | Cys |
|       |     |     |     | 85  |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 95  |     |
| Ala   | Arg | Glu | Gly | Tyr | Ser | Ser | Ser | Trp | Ser | Tyr | Tyr | Tyr | Gly | Met | Asp |
|       |     |     |     | 100 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 110 |     |
| Val   | Trp | Gly | Gln | Gly | Thr | Thr | Val | Thr | Val | Ser | Ser |     |     |     |     |
|       |     |     |     | 115 |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 120 |     |
| <210> | 40  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| 211>  | 123 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212> | PRT |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 VH

<400> 40

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 41

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, including the following 13A3 variants: N60Q; N60S; N60A;

D101E

<220>

<223> P102V; P102Y; P102L; N60Q and P102Y; N60Q and D101E CDR1

(VH)

<400> 41

Ser Arg Ser Tyr Tyr Trp Gly

1 5

<210> 42

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, including the 8B9 (S61P) variant CDR1 (VH)

<400> 42

Arg His Tyr Trp Asn

1 5

<210> 43

  

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 CDR1 (VH)

<400> 43

Arg Tyr Tyr Trp Ser

1 5

<210> 44

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 CDR1 (VH)

<400> 44

Ser Tyr Tyr Met His

1 5

<210> 45

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6, including the 9F6 (A108T) variant, 3G4

<220><223> 17C8, 14H7, TIM3.24, 23B3, TIM3.25 CDR1 (VH)

<400> 45

Asp Tyr Tyr Met Ser

1 5

  

<210> 46

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, including the following 13A3 variants: D101E, P102V, P102Y,  
and P102L CDR2 (VH)

<400> 46

Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 47

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 CDR2 (VH)

<400> 47

Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 48

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 CDR2 (VH)

<400> 48

Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 49

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 CDR2 (VH)

<400> 49

Ile Ile Asn Pro Arg Gly Asp Ser Ile Ile Tyr Ala Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 50



<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6, including the 9F6 (A108T) variant CDR2 (VH)

<400> 50

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

1 5 10 15

Gly

<210> 51

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 CDR2 (VH)

<400> 51

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

1 5 10 15

Gly

<210> 52

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 CDR2 (VH)

<400> 52

Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 53

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, including the following 13A3 variants: N60Q, N60S, N60A CDR3

(VH)

<400> 53

Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

1 5 10

<210> 54

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, including the 8B9 (S61P) variant CDR3 (VH)

<400> 54

Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile

1 5

<210> 55

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 CDR3 (VH)

<400> 55

Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5

<210> 56

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 CDR3 (VH)

<400> 56

Asp Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 57

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6, including the 9F6 (A108T) variant CDR3 (VH)

<400> 57

Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 58

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 CDR3 (VH)

<400> 58

Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10 15

<210> 59

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 CDR3 (VH)

<400> 59

Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 60

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, 17C3, 3G4, 23B3 (VK1), TIM3.25 VL

<400> 60

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

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser

20 25 30

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu

35 40 45

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

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

85 90 95  
 Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 61

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, 8C4, 17C8 , 9F6 (VK3) VL

<400> 61

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

Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45  
 Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60

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

Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 62

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK1) VL

<400> 62

Ala Ile Gln Leu Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly  
 1 5 10 15  
 Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala  
 20 25 30  
 Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile  
 35 40 45  
 Tyr Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly  
 50 55 60  
 Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro  
 65 70 75 80  
 Glu Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Arg  
 85 90 95  
 Thr Phe Gly Gln Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys  
 100 105

<210> 63

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK2) VL

<400> 63

Glu Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Gly Thr Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
 20 25 30  
 Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu Leu  
 35 40 45  
 Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
 50 55 60  
 Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
 65 70 75 80  
 Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 64

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, 8B9, 8C4, 17C3, 9F6 (VK2, VK3), 3G4

<220><223> 17C8, 14H7, TIM3.24, 23B3, TIM3.25 CDR1 (VL)

<400> 64

Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser Tyr Leu Ala

1 5 10

<210> 65

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK1) CDR1 (VL)

<400> 65

Arg Ala Ser Gln Gly Ile Ser Ser Ala Leu Ala

1 5 10

<210> 66

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, 8B9, 8C4, 17C3, 9F6 (VK2, VK3), 3G4

<220><223> 17C8, 14H7, TIM3.24, 23B3, TIM3.25 CDR2 (VL)

<400> 66

Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr

1 5

<210> 67

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence



<220><223> 9F6 (VK1) CDR2 (VL)

<400> 67

Asp Ala Ser Ser Leu Glu Ser

1 5

<210> 68

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, 17C3, 3G4, 23B3 (VK1), TIM3.25 CDR3 (VL)

<400> 68

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Ile Thr

1 5

<210> 69

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, 8C4, 9F6 (VK3), 17C8, 14H7, TIM3.24 CDR3 (VL)

<400> 69

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 70

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK1) CDR3 (VL)

<400> 70

Gln Gln Phe Asn Ser Tyr Pro Arg Thr

1 5

<210> 71

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK2) CDR3 (VL)

<400> 71

Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Leu Thr

1 5

<210> 72

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q) IgG1.1f HC

<400> 72

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
|                                                                 |     |     |     |
| Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
|                                                                 |     |     |     |
| Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser |     |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |     |
| Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro |     |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |     |
| Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln |     |     |     |
| 355                                                             | 360 | 365 |     |
|                                                                 |     |     |     |
| Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala |     |     |     |
| 370                                                             | 375 | 380 |     |
| Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr |     |     |     |
| 385                                                             | 390 | 395 | 400 |
| Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu |     |     |     |
| 405                                                             | 410 | 415 |     |
| Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser |     |     |     |
| 420                                                             | 425 | 430 |     |

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 73

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) IgG1.1f HC

<400> 73

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ser 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 74  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60A) IgG1.1f HC  
 <400> 74  
 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 Arg  
 20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ala 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
 100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130                      135                      140  
  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

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



Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 75

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

><223> 13A3 (D101E) IgG1.1f HC

<400> 75

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 76

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) IgG1.1f HC

<400> 76

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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val  
 100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                                  165                      170                      175  
  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                                  180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
                                  195                      200                      205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
                                  210                      215                      220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225                      230                      235                      240  
  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
                                  245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
                                  260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
                                  275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
                                  290                      295                      300  
  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
                                  325                      330                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
                                  340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
                                  355                      360                      365  
  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
                                  370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 77

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.1f HC

<400> 77

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

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

385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
                          405                      410                      415  
  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
                          420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
                          435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
                          450  
 <210> 78  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (P102L) IgG1.1f HC  
 <400> 78  
 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 Arg  
                          20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
                          35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Leu  
                          100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                          115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly



|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |     |
|                                                                 | 165 | 170 | 175 |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |     |
|                                                                 | 180 | 185 | 190 |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
|                                                                 |     |     |     |
| Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr |     |     |     |
|                                                                 | 245 | 250 | 255 |
| Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val |     |     |     |
|                                                                 | 260 | 265 | 270 |
|                                                                 |     |     |     |
| Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser |     |     |     |
|                                                                 | 325 | 330 | 335 |
|                                                                 |     |     |     |
| Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro |     |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |     |
| Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln |     |     |     |
| 355                                                             | 360 | 365 |     |
| Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala |     |     |     |
| 370                                                             | 375 | 380 |     |

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 79

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220

><223> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.1f HC

<400> 79

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |     |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser |     |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |     |
| Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro |     |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |     |
| Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln |     |     |     |
| 355                                                             | 360 | 365 |     |

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370

375

380

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

385

390

395

400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405

410

415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420

425

430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435

440

445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 80

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) IgG1.1f HC

<400> 80

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His

20

25

30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35

40

45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50

55

60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65

70

75

80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85

90

95

Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 100                                                             | 105 | 110 |     |
| Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu |     |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser |     |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |     |
| Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser |     |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile |     |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |     |
| Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro |     |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |     |

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu

355 360 365  
Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380  
Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400  
Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415  
Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430  
His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

435 440 445

<210> 81

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (A108T) IgG1.1f HC

<400> 81

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 100                                                             | 105 | 110 |
| Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 |
|                                                                 |     | 160 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |
| Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |
| Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 |
| Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |
| Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |
| Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |
| Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |
| Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 |
| Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |
| Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |



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

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450

<210> 82

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 82

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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275 280 285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325 330 335  
  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445

Leu Ser Pro Gly

450

<210> 83

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

13A3 (N60S) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 83

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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ser 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275 280 285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445  
Leu Ser Pro Gly  
450  
<210> 84  
<211> 452  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (N60A) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
<400> 84  
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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ala 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125  
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140  
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160  
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175  
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190  
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205  
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220  
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240  
Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255  
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270  
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285  
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300  
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320  
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser

325 330 335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

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

420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 Leu Ser Pro Gly

450

<210> 85

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 85

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 Arg

20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 | Thr | Gly | Gly | Pro | Tyr | Gly | Asp | Tyr | Ala | His | Trp | Phe | Glu | Pro |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 100 |     |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Trp | Gly | Gln | Gly | Thr | Leu | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys | Gly |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 115 |     |     |     | 120 |     |     |     | 125 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Pro | Ser | Val | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Ser | Ser | Lys | Ser | Thr | Ser | Gly | Gly |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     | 140 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Thr | Ala | Ala | Leu | Gly | Cys | Leu | Val | Lys | Asp | Tyr | Phe | Pro | Glu | Pro | Val |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |  |  |
| 145 |     |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Thr | Val | Ser | Trp | Asn | Ser | Gly | Ala | Leu | Thr | Ser | Gly | Val | His | Thr | Phe |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     | 170 |     |     |     | 175 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Pro | Ala | Val | Leu | Gln | Ser | Ser | Gly | Leu | Tyr | Ser | Leu | Ser | Ser | Val | Val |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 180 |     |     |     | 185 |     |     |     | 190 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Thr | Val | Pro | Ser | Ser | Ser | Leu | Gly | Thr | Gln | Thr | Tyr | Ile | Cys | Asn | Val |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 195 |     |     |     | 200 |     |     |     | 205 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Asn | His | Lys | Pro | Ser | Asn | Thr | Lys | Val | Asp | Lys | Arg | Val | Glu | Pro | Lys |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |  |  |
| 210 |     |     |     | 215 |     |     |     | 220 |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Ser | Cys | Asp | Lys | Thr | His | Thr | Cys | Pro | Pro | Cys | Pro | Ala | Pro | Glu | Ala |  |     |  |  |  |
| 225 |     |     |     | 230 |     |     |     | 235 |     |     |     |     |     |     |     |  | 240 |  |  |  |
| Glu | Gly | Ala | Pro | Ser | Val | Phe | Leu | Phe | Pro | Pro | Lys | Pro | Lys | Asp | Thr |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 245 |     |     |     | 250 |     |     |     | 255 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Leu | Met | Ile | Ser | Arg | Thr | Pro | Glu | Val | Thr | Cys | Val | Val | Val | Asp | Val |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     | 260 |     |     |     | 265 |     |     |     | 270 |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Ser | His | Glu | Asp | Pro | Glu | Val | Lys | Phe | Asn | Trp | Tyr | Val | Asp | Gly | Val |  |     |  |  |  |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |  |  |
| 275 |     |     |     | 280 |     |     |     | 285 |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Glu | Val | His | Asn | Ala | Lys | Thr | Lys | Pro | Arg | Glu | Glu | Gln | Tyr | Asn | Ser |  |     |  |  |  |
| 290 |     |     |     | 295 |     |     |     | 300 |     |     |     |     |     |     |     |  |     |  |  |  |
| Thr | Tyr | Arg | Val | Val | Ser | Val | Leu | Thr | Val | Leu | His | Gln | Asp | Trp | Leu |  |     |  |  |  |
| 305 |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     |     |     |     |     |  | 320 |  |  |  |

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325 330 335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 Leu Ser Pro Gly  
 450  
 <210> 86  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (P102V) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400> 86  
 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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
  
                          325                      330                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
                          340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
                          355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
                          370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
  
 385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
                          405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
                          420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
                          435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly  
                          450  
 <210> 87  
  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400> 87  
  
 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 Arg  
                          20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
                          35                      40                      45

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

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser

325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly

450

<210> 88

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 88

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Leu  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val



275                                      280                                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290                                      295                                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                                      310                                      315                                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325                                      330                                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340                                      345                                      350  
  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355                                      360                                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370                                      375                                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                                      390                                      395                                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405                                      410                                      415  
  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420                                      425                                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435                                      440                                      445  
 Leu Ser Pro Gly  
 450  
 <210> 89  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400> 89  
 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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

[illegible]

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

245                      250                      255  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
 260                      265                      270  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
 275                      280                      285  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
 290                      295                      300  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
  
 305                      310                      315                      320  
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile  
 325                      330                      335  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
 340                      345                      350  
 Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
 355                      360                      365  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
  
 370                      375                      380  
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 385                      390                      395                      400  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
 405                      410                      415  
 Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
 420                      425                      430  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
  
 435                      440                      445  
 <210> 91  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 9F6 (A108T) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400> 91  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

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

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275 280 285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
 325 330 335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 Leu Ser Pro Gly  
 450  
 <210> 92  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q) IgG1.3f HC  
 <400> 92



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 Arg  
  
                     20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
                     35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
                     100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                     115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
                     130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                     165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                     180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
                     195                      200                      205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
  
                     210                      215                      220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255  
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270  
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285  
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300  
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320  
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335  
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445  
Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 93

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) IgG1.3f HC

<400> 93

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 Arg  
                   20                    25                    30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
                   35                    40                    45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ser 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
                   100                    105                    110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                   115                    120                    125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly

130                    135                    140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                    150                    155                    160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                   165                    170                    175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                   180                    185                    190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195                    200                    205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
                   210                    215                    220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225                    230                    235                    240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210

> 94

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60A) IgG1.3f HC

<400> 94

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ala 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225                      230                      235                      240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325                      330                      335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 95

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E) IgG1.3f HC

<400> 95

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 96



<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) IgG1.3f HC

<400> 96

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 97

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.3f HC

<400> 97

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125  
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly

130 135 140  
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160  
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175  
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210  
 > 98  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (P102L) IgG1.3f HC  
 <400> 98  
 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 Arg  
 20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Leu  
 100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165                      170                      175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
  
 435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 99  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.3f HC  
 <400> 99  
 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 Arg  
 20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
  
 35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
  
 100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu



405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445  
Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 100

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) IgG1.3f HC

<400> 100

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His

20 25 30  
Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45  
Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60  
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80  
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95  
Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110  
Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu

115 120 125  
Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145 150 155 160

Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser

165 170 175

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser

180 185 190

Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn

195 200 205

Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His

210 215 220

Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val

225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu

260 265 270

Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys

275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385                      390                      395                      400  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
  
                          405                      410                      415  
 Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
                          420                      425                      430  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
                          435                      440                      445  
 <210> 101  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 9F6 (A108T) IgG1.3f HC  
 <400> 101  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
                          50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Phe  
 65                      70                      75                      80  
  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
                          100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                          115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
                          130                      135                      140

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

|           |                                          |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----------|------------------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 385       | 390                                      | 395 | 400 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| Pro       | Pro                                      | Val | Leu | Asp | Ser | Asp | Gly | Ser | Phe | Phe | Leu | Tyr | Ser | Lys | Leu |
|           |                                          |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |
| Thr       | Val                                      | Asp | Lys | Ser | Arg | Trp | Gln | Gln | Gly | Asn | Val | Phe | Ser | Cys | Ser |
|           |                                          |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |
| Val       | Met                                      | His | Glu | Ala | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser |
|           |                                          |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |
| Leu       | Ser                                      | Pro | Gly | Lys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|           |                                          |     |     | 450 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210>     | 102                                      |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211>     | 452                                      |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212>     | PRT                                      |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213>     | Artificial Sequence                      |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <         |                                          |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| 220><223> | 13A3 (N60Q) IgG1.3f HC (no C-terminal K) |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400>     | 102                                      |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| 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 | Arg |
|           |                                          |     |     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     | 30  |     |
| Ser       | Tyr                                      | Tyr | Trp | Gly | Trp | Ile | Arg | Gln | Pro | Pro | Gly | Lys | Gly | Leu | Glu |
|           |                                          |     |     | 35  |     |     |     |     |     | 40  |     |     |     | 45  |     |
| Trp       | Ile                                      | Gly | Ser | Ile | Tyr | Tyr | Ser | Gly | Phe | Thr | Tyr | Tyr | Gln | 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                                      | Thr | Gly | Gly | Pro | Tyr | Gly | Asp | Tyr | Ala | His | Trp | Phe | Asp | Pro |
|           |                                          |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|           |                                          |     |     | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |
| Trp       | Gly                                      | Gln | Gly | Thr | Leu | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys | Glu |

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140  
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160  
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175  
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190  
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205  
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220  
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240  
Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255  
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270  
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285  
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300  
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320  
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
325 330 335  
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445  
Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 103

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 103

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ser 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
  
 165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195                      200                      205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210                      215                      220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
  
 290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325                      330                      335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
  
 355                      360                      365



Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 104

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60A) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 104

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ala 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
  
 275 280 285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325 330 335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
  
 340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

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

405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly

450

<210> 105

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 105

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 100                                                             | 105 | 110 |     |
| Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly |     |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |     |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala |     |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |     |
| Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro |     |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |     |

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
 450

<210> 106

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 106

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 Arg  
 20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 107

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 107

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr

100

105

110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115

120

125

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

130

135

140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145

150

155

160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165

170

175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180

185

190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195

200

205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210

215

220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225

230

235

240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245

250

255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260

265

270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275

280

285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290

295

300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305

310

315

320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325

330

335



Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 108

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 108

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

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

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 109

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 109

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

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

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly

450

<210> 110

<211> 446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 110

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His

20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35                                      40                                      45  
 Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50                                      55                                      60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65                                      70                                      75                                      80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85                                      90                                      95  
 Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
  
 100                                      105                                      110  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
 115                                      120                                      125  
 Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
 130                                      135                                      140  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
 145                                      150                                      155                                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
  
 165                                      170                                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
 180                                      185                                      190  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
 195                                      200                                      205  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
 210                                      215                                      220  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val  
  
 225                                      230                                      235                                      240  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
 245                                      250                                      255  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
 260                                      265                                      270  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
 275                                      280                                      285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser

290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys

305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile

325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro

340 345 350

Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu

355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn

370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser

385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu

420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

<210> 111

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (A108T) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 111

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Phe  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
  
 85                      90                      95  
 Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
 100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195                      200                      205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
  
 210                      215                      220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
  
 275                      280                      285



Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325 330 335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340 345 350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
 355 360 365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
 370 375 380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385 390 395 400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405 410 415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420 425 430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
 435 440 445  
 Leu Ser Pro Gly  
 450  
 <210> 112  
 <211> 123  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q) VH  
 <400> 112  
 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 Arg  
 20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 113

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) VH

<400> 113

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ser 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 114

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60A) VH

<400> 114

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ala 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 115

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E) VH

<400> 115

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro  
100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 116

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) VH

<400> 116

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 117

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) VH

<400> 117

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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
 115 120

<210> 118

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) VH

<400> 118

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Leu  
100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 119

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) VH

<400> 119

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45  
Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser  
115 120

<210> 120

<211> 117

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) VH

<400> 120

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser  
115

<210> 121

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (A108T) VH

<400> 121

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 122

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q); 13A3 (N60Q, P102Y); 13A3 (N60Q, D101E) CDR2 (VH)

<400> 122

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

1 5 10 15

<210> 123

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) CDR2 (VH)

<400> 123



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

1 5 10 15

<210> 124

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60A) CDR2 (VH)

<400> 124

Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ala Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 125

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) CDR2 (VH)

<400> 125

Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser

1 5 10 15

<210> 126

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E); 13A3 (N60Q, D101E) CDR3 (VH)

<400> 126

Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro

1 5 10

<210> 127

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) CDR3 (VH)

<400> 127

Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val

1                    5                    10

<210> 128

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y); 13A3 (N60Q, P102Y) CDR3 (VH)

<400> 128

Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr

1                    5                    10

<210> 129

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) CDR3 (VH)

<400> 129

Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Leu

1                    5                    10

<210> 130

<211> 330

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> All antibodies HC Constant Domain (IgG1.1f)

<400> 130

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

1                    5                    10                    15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20                    25                    30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35                    40                    45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50                    55                    60

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

65                    70                    75                    80

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

325

330

<210> 131

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> All antibodies HC Constant Domain (IgG1.1f) (no C-terminal K)

<400> 131

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20

25

30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

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

65 70 75 80

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85

90

95

Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys

100 105 110

Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro

115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys

130 135 140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp

145

150

155

160

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu

165 170 175

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu

180 185 190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn

195 200 205  
Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly

210 215 220  
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu  
225 230 235 240  
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr  
245 250 255  
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn  
260 265 270  
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe

275 280 285  
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn  
290 295 300  
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr  
305 310 315 320  
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
325

<210> 132

<211> 330

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> All antibodies HC Constant Domain (IgG1.3f)

<400> 132

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

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

|            |                                                       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|------------|-------------------------------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|
| 305        |                                                       |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |     |  |  |  |
| Gln        | Lys                                                   | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser | Pro | Gly | Lys |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|            |                                                       |     |     | 325 |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <210>      | 133                                                   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <211>      | 329                                                   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <212>      | PRT                                                   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <213>      | Artificial Sequence                                   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <220><223> | All antibodies HC Constant Domain (IgG1.3f) (no C-ter |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <400>      | 133                                                   |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Ala        | Ser                                                   | Thr | Lys | Gly | Pro | Ser | Val | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Ser | Ser | Lys |  |  |  |
| 1          | 5                                                     |     |     |     | 10  |     |     |     | 15  |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Ser        | Thr                                                   | Ser | Gly | Gly | Thr | Ala | Ala | Leu | Gly | Cys | Leu | Val | Lys | Asp | Tyr |  |  |  |
| 20         |                                                       |     |     | 25  |     |     |     | 30  |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Phe        | Pro                                                   | Glu | Pro | Val | Thr | Val | Ser | Trp | Asn | Ser | Gly | Ala | Leu | Thr | Ser |  |  |  |
| 35         |                                                       |     |     | 40  |     |     |     | 45  |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Gly        | Val                                                   | His | Thr | Phe | Pro | Ala | Val | Leu | Gln | Ser | Ser | Gly | Leu | Tyr | Ser |  |  |  |
| 50         |                                                       |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Leu        | Ser                                                   | Ser | Val | Val | Thr | Val | Pro | Ser | Ser | Ser | Leu | Gly | Thr | Gln | Thr |  |  |  |
| 65         |                                                       |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     | 80  |     |     |     |  |  |  |
| Tyr        | Ile                                                   | Cys | Asn | Val | Asn | His | Lys | Pro | Ser | Asn | Thr | Lys | Val | Asp | Lys |  |  |  |
| 85         |                                                       |     |     | 90  |     |     |     | 95  |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Arg        | Val                                                   | Glu | Pro | Lys | Ser | Cys | Asp | Lys | Thr | His | Thr | Cys | Pro | Pro | Cys |  |  |  |
| 100        |                                                       |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Pro        | Ala                                                   | Pro | Glu | Ala | Glu | Gly | Ala | Pro | Ser | Val | Phe | Leu | Phe | Pro | Pro |  |  |  |
| 115        |                                                       |     |     | 120 |     |     |     | 125 |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Lys        | Pro                                                   | Lys | Asp | Thr | Leu | Met | Ile | Ser | Arg | Thr | Pro | Glu | Val | Thr | Cys |  |  |  |
| 130        |                                                       |     |     | 135 |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Val        | Val                                                   | Val | Asp | Val | Ser | His | Glu | Asp | Pro | Glu | Val | Lys | Phe | Asn | Trp |  |  |  |
| 145        |                                                       |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |     |     |     |  |  |  |
| Tyr        | Val                                                   | Asp | Gly | Val | Glu | Val | His | Asn | Ala | Lys | Thr | Lys | Pro | Arg | Gln |  |  |  |

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu  
180 185 190  
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn  
195 200 205  
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly  
210 215 220  
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu

225 230 235 240  
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr  
245 250 255  
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn  
260 265 270  
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe  
275 280 285  
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn

290 295 300  
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr  
305 310 315 320  
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

325

<210> 134

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 IgG1.1f HC

<400> 134

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaaccctg cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc cactgggttc gaccctggg gccaggaac cctggtcacc 360



gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaaggggccc cgtcagtctt cctcttcccc caaaaacca aggacacct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg ctctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200  
cctccctgctc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 135

<211> 1344

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG1.1f HC

<400> 135

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt cgtcactact ggaactggat ccggcagccc 120  
ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat 180  
tcctccctca agagtcagat caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatactggg 300  
tactacggta tggacatctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc agctagcacc 360

aagggcccat cggcttctccc cctggcacc tcctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420  
gccctgggct gcctggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc gtggaactca 480

ggcgccctga ccagcggcgt gcacacctic ccggtgtcc tacagtctc aggactctac 540  
 tccctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac ctacatctgc 600  
 aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gatttgagcc caaatcttgt 660  
 gacaaaaact acacatgccc accgtgccca gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720  
 ttctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780

tgctggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840  
 ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtaca cagcacgtac 900  
 cgtgtgtgca gcgtctcac cgtctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960  
 tgcaaggctt ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020  
 gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgccccat cccgggagga gatgaccaag 1080  
 aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140  
 tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctccgt gctggactcc 1200

gacggctcct tcttctcta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260  
 aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320  
 ctctcctgt ccccggttaa atga 1344

<210> 136  
 <211> 1344  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 8C4 IgG1.1f HC  
 <400> 136

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt cgttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
 ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca ctgggagcac caactacaac 180

ccctccctca agagtegagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc agcggacacg gccgtgtatt actgtgcgac agatacgggc 300  
 tactacgcta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc agctagcacc 360  
 aagggcccat cggctctccc cctggcacc cctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420  
 gccctgggct gcctggtcaa ggactactic cccgaaccgg tgacggtgtc gtggaactca 480  
 ggcgcccctga ccagcggcgt gcacacctic ccggtgtcc tacagtctc aggactctac 540  
 tccctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac ctacatctgc 600

aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gagttgagcc caaatcttgt 660  
gacaaaaactc acacatgccc accgtgccca gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720  
ttctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780  
tgcgtggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840  
ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa cagcacgtac 900  
cgtgtggtca gcgtctcac cgtctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960  
tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020

gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgccccat cccgggagga gatgaccaag 1080  
aaccaggta gctgacctg cctggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140  
tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 1200  
gacggctcct tcttctcta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260  
aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320  
ctctccctgt ccccggttaa atga 1344

<210> 137

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 IgG1.1f HC

<400> 137

caggtgcagt tggatgcagt tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60  
tcctgaagg catctggata cactttcacc agctactata tgactgggt gcgacaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagt gatgggaata atcaacccta ggggtgatag cataatctac 180  
gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagatttc 300  
tatggttcgg gaaactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaaggggcc cgtcagttt cctcttccc caaaaccca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagt ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 138

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG1.1f HC

<400> 138

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccitcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggagt gggttcattc attagtgggt gtggtagtag catatactac 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt 240

ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc 300

tatagcagt gctggacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac gcgggtcacc 360

gtctctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctact cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaagggggcc cgtcagctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtgggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgtagc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 139  
<211> 1365  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 3G4 IgG1.1f HC  
<400> 139

caggtgcagc tggtaggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtacta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaaggcccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctacactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaaggg 300  
tatagcagca gctggctcta ctactacggt atggacgtct ggggccaagg gaccacggtc 360  
accgtctcct cagctagcac caagggccca tcggtcttcc ccctggcacc ctctccaag 420  
agcacctctg ggggcacagc ggccctgggc tgcttggtca aggactactt ccccgaaccg 480

gtgacggtgt cgtggaactc aggcgccctg accagcggcg tgcacacctt cccggctgtc 540  
ctacagtctc caggactcta ctccctcagc agcgtggtga ccgtgccctc cagcagcttg 600  
ggcaccaga cctacatctg caactgaat cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 660  
agagttgagc ccaaactctg tgacaaaact cacacatgcc caccgtgccc agcacctgaa 720  
gccgaagggg ccccgtagt cttctcttcc cccccaaaac ccaaggacac cctcatgac 780  
tcccggaccc ctgaggtcac atgcgtggtg gtggacgtga gccacgaaga ccctgaggtc 840  
aagttcaact ggtacgtgga cggcgtggag gtgcataatg ccaagacaaa gccgcgggag 900

gagcagtaca acagcacgta ccgtgtggtc agcgtcttca ccgtcctgca ccaggactgg 960  
ctgaatggca aggagtacaa gtgcaaggtc tccaacaaag ccctccaag cagcatcgag 1020

aaaaccatct ccaaagccaa agggcagccc cgagaaccac aggtgtacac cctgccccca 1080  
 tccccggagg agatgaccaa gaaccaggtc agcctgacct gcctgggtcaa aggccttctat 1140  
 cccagcgaca tcgccgtgga gtgggagagc aatgggcagc cggagaacaa ctacaagacc 1200  
 acgcctcccc tgctggactc cgacggctcc ttcttctct atagcaagct caccgtggac 1260  
 aagagcaggt ggcagcaggg gaacgtcttc tcatgtccg tgatgcatga ggctctgcac 1320  
  
 aaccactaca cgcagaagag cctctccctg tccccgggta aatga 1365  
 <210> 140  
 <211> 1362  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 17C8 IgG1.1f HC  
 <400> 140  
 caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
 tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
 ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtagta gtggtagtat catatactac 180  
 gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctactgtat 240  
 ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300  
  
 tatagcagtg gctgggagta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
 gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtccctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
  
 gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctec 780  
 cggacccttg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg ctctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 141  
 <211> 1359  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400> 141

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg ttcttgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 tacaaccgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc cacttgggtc gaccctggg gccagggaa cctggtcacc 360  
 gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaagggggcc cgtcagcttt cctcttcccc ccaaaaccca aggacacct catgatctcc 780  
 cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 142

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 142

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt cgtcactact ggaactggat ccggcagccc 120

ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat 180

tcctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gtctccctg 240

aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatactggg 300

tactacggta tggacatctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc agctagcacc 360

aagggcccat cggctcttccc cctggcacc cctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420

gccctgggct gcctggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacgggtgc gtggaactca 480

ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggctgtcc tacagtctc aggactctac 540

tcctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac ctacatctgc 600

aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gattgagcc caaatcttgt 660

gacaaaactc acacatgcc accgtgccca gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720

tctctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780

tgctggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtaca cagcacgtac 900

cgtgtggtea gcgtctcac cgtctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960

tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020

gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080

aaccaggtea gctgacctg cctggtcaaa ggttcttctc ccagcgacat cgccgtggag 1140

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccggt gctggactcc 1200

gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260

aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320

ctctccctgt ccccggttg a 1341



<210> 143

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 143

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt cgttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca ctgggagcac caactacaac 180  
ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc agcggacacg gccgtgtatt actgtgcgac agatacgggc 300  
tactacggtg tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcctc agctagcacc 360  
aagggcccat cggctcttccc cctggcacc cctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420

gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc ccgaaccgg tgacgggtgc gtggaactca 480  
ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggctgtcc tacagtcctc aggactctac 540  
tcctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcacccagac ctacatctgc 600  
aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gagttgagcc caaatcttgt 660  
gacaaaactc acacatgccc accgtgccca gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720  
ttctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780  
tgcgtggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtaca cagcacgtac 900  
cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960  
tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020  
gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080  
aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggtttctatc ccagcgacat cggcgtggag 1140  
tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 1200  
gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260

aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320  
ctctccctgt ccccggttg a 1341

<210> 144

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 144

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60  
tcctgcaagg catctggata cactttcacc agctactata tgcactgggt gcgacaggcc 120  
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ggggtgatag cataatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240  
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagatttc 300  
tatggttcgg gaaactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctcag ctacgaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctgggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgta caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacacct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatec 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200  
cctcccgtagc tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 145

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 145

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag ccctcggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat cgcagggt 120  
ccaggaagg ggcctggagt ggtttcattc attagtgggt gtggtagtag catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt 240  
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc 300  
tatagcagtg gctggtagta ctacggtagt gacgtctggg gccaaaggac cgcggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc ttggaccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg gcacctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttctga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaaggggccc cgtcagctct cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtgggt gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagt ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtagc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 146

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 146

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60

|                                                                   |      |
|-------------------------------------------------------------------|------|
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat cgcaggct   | 120  |
| ccagggaagg ggctggagt ggtttcattc attagtacta gtgtagtat catatactac   | 180  |
| gcagactctg tgaaggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctactgtat   | 240  |
| ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaagg  | 300  |
| tatagcagca gctggctcta ctactacgt atggacgtct ggggccaagg gaccacggc   | 360  |
| accgtctcct cagctagcac caagggccca tcggtcttcc ccctggcacc ctctccaag  | 420  |
| agcacctctg ggggcacagc ggccctgggc tgctgtgtca aggactactt cccgaaccg  | 480  |
| gtgacggtgt cgtggaactc aggcgccctg accagcggcg tgcacacctt cccggtgtc  | 540  |
| ctacagtcct caggactcta ctccctcagc agcgtggtga ccgtgccctc cagcagcttg | 600  |
| ggcaccaga cctacatctg caacgtgaat cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag  | 660  |
| agagttgagc ccaaatcttg tgacaaaact cacacatgcc caccgtgccc agcacctgaa | 720  |
| gccgaagggg cccgtcagt ctctctcttc ccccaaac ccaaggacac cctcatgac     | 780  |
| tcccgagcc ctgaggtcac atgcgtggtg gtggacgtga gccacgaaga ccctgaggtc  | 840  |
| aagttcaact ggtacgtgga cggcgtggag gtgcataatg ccaagacaaa gccgcgggag | 900  |
| gagcagtaca acagcacgta ccgtgtggtc agcgtctca ccgtctgca ccaggactgg   | 960  |
| ctgaatggca aggagtacaa gtgcaaggtc tccaacaaag ccctcccaag cagcatcgag | 1020 |
| aaaaccatct ccaaagccaa agggcagccc cgagaaccac aggtgtacac cctgccccca | 1080 |
| tcccgaggag agatgaccaa gaaccaggtc agcctgacct gcctggtcaa aggttctat  | 1140 |
| cccagcgaca tcgccgtgga gtgggagagc aatgggcagc cggagaacaa ctacaagacc | 1200 |
| acgcctcccg tgctggactc cgacggctcc ttcttctct atagcaagct caccgtggac  | 1260 |
| aagagcaggt ggcagcagg gaacgtcttc tcatgtccg tgatgcatga ggctctgcac   | 1320 |
| aaccactaca cgcagaagag cctctccctg tccccgggtt ga                    | 1362 |
| <210> 147                                                         |      |
| <211> 1359                                                        |      |
| <212> DNA                                                         |      |
| <213> Artificial Sequence                                         |      |
| <220><223> 17C8 IgG1.1f HC (no C-terminal K)                      |      |
| <400> 147                                                         |      |
| caggtgcagc tggtaggtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc  | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat cgcaggct   | 120  |
| ccagggaagg ggctggagt ggtttcattc attagtacta gtgtagtat catatactac   | 180  |

gcagactctg tgaaggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctacactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300

tatagcagtg gctgggagta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720

gaagggggccc cgtcagcttt cctcttcccc caaaaacca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctccctgtc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 148  
<211> 1362  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 IgG1.3f HC  
<400> 148

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tccttggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tacaaccct cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacgc ccacttggtc gacccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccttcag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggcc cgtcagctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgtgc tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgtccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 149

<211> 1343

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG1.3f HC

<400> 149

aggtgcagct gcaggagtc ggcccaggac tggatgaagc ttcggagacc ctgtccctca 60  
cctgcactgt ctctggtggc tccatcagtc gtcactactg gaactggatc cggcagcccc 120  
caggggaagg actggagtgg attgggtata tccattacag tggaagcacc aactacaatt 180  
cctccctcaa gactcagtc accatatcag tagacacgtc caagaaccag ttctccctga 240  
agctgagctc tctgaccgt gcggacacgg ccgtgtatta ctgtgcgaga gatactgggt 300  
actacggtat ggacatctgg ggccaaggga ccacggctcac cgtctctca gctagcacca 360

agggcccatc ggtcttcccc ctggcacct cctccaagag cacctctggg ggcacagcgg 420

ccctgggctg cctgggtcaag gactacttcc ccgaaccggg gacgggtgtcg tggaaactcag 480  
gcgccttgac cagcggcggtg cacaccttcc cggctgtcct acagtcctca ggactctact 540  
ccctcagcag cgtgggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc tacatctgca 600  
acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagccc aaatcttgtg 660  
acaaaactca cacatgcccc ccgtgcccag cacctgaagc cgaaggggcc ccgtcagtct 720  
tcctcttccc cccaaaaccc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccctt gaggtcacat 780

gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg tacgtggacg 840  
gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac agcacgtacc 900  
gtgtggctag cgtcctcacc gtcttcgacc aggactggct gaatggcaag gagtacaagt 960  
gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccctcgagaa aacctctcc aaagccaaag 1020  
ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag atgaccaaga 1080  
accaggtcag cctgacctgc ctgggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc gccgtggagt 1140  
gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg ctggactccg 1200

acggctcctt ctctctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga 1260  
acgtcttctc atgtctcgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacagc cagaagagcc 1320  
tctccctgtc cccgggtaaa tga 1343

<210> 150

<211> 1344

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 IgG1.3f HC

<400> 150

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctgggtg ctccatcagt cgttactact ggagctggat ccggcagccc 120  
ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca ctgggagcac caactacaac 180

ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc agcggacacg gccgtgtatt actgtgcgac agatacgggc 300  
tactacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc agctagcacc 360  
aagggcccat cggtcttccc cctggcacc tctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420  
gccctgggct gcctggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacgggtgc gtggaactca 480  
ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggtgtcc tacagtctc aggactctac 540

tccctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcacccagac ctacatctgc 600

aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gagttgagcc caaatcttgt 660

gacaaaaactc acacatgccc accgtgcccga gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720

ttcctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780

tgcgtggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa cagcacgtac 900

cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960

tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccagcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020

gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080

aaccaggtca gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgctcccgt gctggactcc 1200

gacggctcct tcttctcta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260

aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320

ctctccctgt ccccggttaa atga 1344

<210> 151

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 IgG1.3f HC

<400> 151

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg catctggata cactttcacc agctactata tgcaactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ggggtgatag cataatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagatttc 300

tatgggtcgg gaaactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaggagc cacggtcacc 360

gtctcctcag ctacgaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660



|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc  | 720  |
| gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc | 780  |
| cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag  | 840  |
|                                                                    |      |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtgtgtcagc gtctctaccg tcttgacca ggactggctg  | 960  |
| aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa  | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc  | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg  | 1200 |
| cctcccgctg tgactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag    | 1260 |
|                                                                    |      |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac   | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga                     | 1362 |
| <210> 152                                                          |      |
| <211> 1362                                                         |      |
| <212> DNA                                                          |      |
| <213> Artificial Sequence                                          |      |
| <220><223> 9F6 IgG1.3f HC                                          |      |
| <400> 152                                                          |      |
| caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct  | 120  |
| ccaggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtgtg gtggtagtag catatactac    | 180  |
| gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt  | 240  |
|                                                                    |      |
| ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc  | 300  |
| tatagcagtg gctggtacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac gcggtcacc   | 360  |
| gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc    | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg  | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg gcacctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta  | 540  |
| cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc  | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga   | 660  |
|                                                                    |      |
| gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc  | 720  |
| gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc | 780  |

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgagggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc aagacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcagggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 153  
 <211> 1365  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 3G4 IgG1.3f HC  
 <400> 153

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccitcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
 ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtacta gtggtagtat catatactac 180  
 gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcaactgtat 240  
 ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaaggg 300  
 tatagcagca gctggctcta ctactacgtt atggacgtct ggggcccaagg gaccacggtc 360  
 accgtctcct cagctagcac caagggccca tcggtcttcc ccttggcacc ctctccaag 420  
 agcacctctg ggggcacagc ggccctgggc tgcttggta aggactactt cccgaaccg 480

gtgacgggtg cgtggaactc aggcgccctg accagcggcg tgcacacctt cccggtgtc 540  
 ctacagtctt caggactcta ctccctcagc agcgtggtga ccgtgccctc cagcagcttg 600  
 ggcacccaga cctacatctg caacgtgaat cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag 660  
 agagttgagc ccaaattctg tgacaaaact cacacatgcc caccgtgccc agcacctgaa 720  
 gccgaagggg ccccgctcagt cttctcttc cccccaaaac ccaaggacac cctcatgatc 780  
 tcccgagacc ctgaggtcac atgcgtggtg gtggacgtga gccacgaaga ccctgaggtc 840  
 aagttcaact ggtacgtgga cggcgtggag gtgcataatg ccaagacaaa gccgcgggag 900

gagcagtaca acagcacgta ccgtgtggtc agcgtcctca ccgtcctgca ccaggactgg 960  
ctgaatggca aggagtacaa gtgcaaggtc tccaacaaag ccctcccagc ccccatcgag 1020  
aaaaccatct ccaaagccaa agggcagccc cgagaaccac aggtgtacac cctgccccca 1080  
tcccgggagg agatgaccaa gaaccaggtc agcctgacct gcctgggtcaa aggtttctat 1140  
cccagcgaca tcgccgtgga gtgggagagc aatgggcagc cggagaacaa ctacaagacc 1200  
acgcctcccc tgctggactc cgacggctcc ttcttctct atagcaagct caccgtggac 1260  
aagagcaggt ggcagcaggg gaacgtcttc tcatgtccg tgatgcatga ggctctgcac 1320

aaccactaca cgcagaagag cctctccctg tccccgggta aatga 1365

<210> 154  
<211> 1362  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 17C8 IgG1.3f HC  
<400> 154

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtagta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctacactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300

tatagcagtg gctgggagta ctacggtatg gacgtctggg gccaaggagc cacggtcacc 360  
gtctcctcag ctaccaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggacccttg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tctgtacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtag tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 155

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 155

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaacccgt ccctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccactggttc gacccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctaccaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttagagcca aatcttga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaagggggcc cgtcagttt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 156  
<211> 1340  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 8B9 IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400> 156

aggtgcagct gcaggagtcg ggcccaggac tggatgaagcc ttcggagacc ctgtccctca 60  
cctgcactgt ctctggtggc tccatcagtc gtccactactg gaactggatc cggcagcccc 120  
caggggaaggg actggagtgg attgggtata tccattacag tggaagcacc aactacaatt 180  
cctccctcaa gattcgagtc accatatcag tagacacgtc caagaaccag ttctccctga 240

agctgagctc tgtgaccgct gcggacacgg ccgtgtatta ctgtgcgaga gatactgggt 300  
actacggtat ggacatctgg ggccaaggga ccacggtcac cgtctcctca gctagcacca 360  
agggcccatc ggtcttcccc ctggcacctt cctccaagag cacctctggg ggcacagcgg 420  
ccctgggctg ctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg tggaaactcag 480  
gcgccttgac cagcggcgtg cacaccttcc cggtcttctt acagtcctca ggactctact 540  
ccctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc tacatctgca 600  
acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagccc aaatcttgtg 660

acaaaactca cacatgcccc ccgtgcccag cacctgaagc cgaaggggcc ccgtcagtct 720  
tcctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcatgatctc ccggaccctt gaggtcacat 780  
gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg tacgtggacg 840  
gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac agcacgtacc 900  
gtgtggtcag cgtcctcacc gtctgcacc aggactggct gaatggcaag gagtacaagt 960  
gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccctcgagaa aacctctcc aaagccaaag 1020  
ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag atgaccaaga 1080

accaggtcag cctgacctgc ctggicaaag gcttctatcc cagcgacatc gccgtggagt 1140  
gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg ctggactccg 1200  
acggtcctct ctctctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga 1260  
acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacag cagaagagcc 1320

tctccctgtc cccgggttga 1340

<210> 157

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 157

  

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt cgttactact ggagctggat ccggcagccc 120

ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca ctgggagcac caactacaac 180

ccctccctca agagtgcagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gtctccctg 240

aagctgagct ctgtgaccgc agcggacacg gccgtgtatt actgtgcgac agatacgggc 300

tactacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc agctagcacc 360

aagggcccat cggctctccc cctggcaccc tcctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420

  

gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacgggtgc gtggaactca 480

ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggtgtcc tacagtctc aggactctac 540

tcctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcacccagac ctacatctgc 600

aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gattgagcc caaatcttgt 660

gacaaaactc acacatgccc accgtgccca gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720

tctctcttc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780

tgctggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840

  

ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgctggagg agcagtacaa cagcacgtac 900

cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960

tgcaaggctt ccaacaaagc cctcccagcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020

gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080

aaccaggtca gcctgacctg cctgggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140

tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccggt gctggactcc 1200

gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260

  

aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320

ctctccctgt ccccggttg a 1341

<210> 158

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 158

```

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggctgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc      60
tcctgcaagg catctggata cactttcacc agctactata tgcaactgggt gcgacaggcc      120
cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ggggtgatag cataatctac      180

gcacagaagt tccagggcag agtcacatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac      240
atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagatttc      300
tatggttcgg gaaactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc      360
gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc      420
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg      480
acggtgtcgt ggaactcagg gcacctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta      540
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc      600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga      660
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc      720
gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc caaaaacca aggacaccct catgatctcc      780
cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag      840
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag      900
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg      960
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa     1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc     1080
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc     1140
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg     1200
cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag     1260
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac     1320
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga                             1359

```

<210> 159

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 159

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caggtgcagc tggtaggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct  | 120  |
| ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtgggtg gtggtagtag catatactac | 180  |
| gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt  | 240  |
| ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc  | 300  |
| tatagcagtg gctggtacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cgcggtcacc  | 360  |
|                                                                    |      |
| gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc ttgcaccctc ctccaagagc   | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg | 480  |
| acgggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta  | 540  |
| cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc   | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga   | 660  |
| gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc      | 720  |
| gaaggggcc cgtcagcttt cctcttcccc caaaaacca aggacacct catgatctcc     | 780  |
|                                                                    |      |
| cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag     | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag  | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg   | 960  |
| aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa  | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc    | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg  | 1200 |
|                                                                    |      |
| cctcccgtagc tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag   | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac  | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga                         | 1359 |

<210> 160

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 IgG1.3f HC (no C-terminal K)



<400> 160

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct  | 120  |
|                                                                    |      |
| ccaggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtacta gtggtagtat catatactac   | 180  |
| gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcactgtat  | 240  |
| ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagaaggg  | 300  |
| tatagcagca gctggctcta ctactacggt atggacgtct ggggccaagg gaccacggtc  | 360  |
| accgtctcct cagctagcac caagggccca tcggtcttcc ccctggcacc ctctccaag   | 420  |
| agcacctctg ggggcacagc ggccctgggc tgcctggtca aggactactt ccccgaaccg  | 480  |
| gtgacggtgt cgtggaactc aggcgccctg accagcggcg tgcacacctt cccggctgtc  | 540  |
|                                                                    |      |
| ctacagtctt caggactcta ctccctcagc agcgtggtga ccgtgccctc cagcagcttg  | 600  |
| ggcacccaga cctacatctg caactggaat cacaagccca gcaacaccaa ggtggacaag  | 660  |
| agagttgagc ccaaactctg tgacaaaact cacacatgcc caccgtgccc agcacctgaa  | 720  |
| gccgaagggg ccccgctagt ctctctcttc cccccaaaac ccaaggacac cctcatgac   | 780  |
| tccccgagcc ctgaggtcac atgcgtgggt gtggacgtga gccacgaaga cctgaggtc   | 840  |
| aagttcaact ggtacgtgga cggcgtggag gtgcataatg ccaagacaaa gccgcgggag  | 900  |
| gagcagtaca acagcacgta ccgtgtggtc agcgtctctc ccgtcctgca ccaggactgg  | 960  |
|                                                                    |      |
| ctgaatggca aggagtacaa gtgcaaggtc tccaacaaag ccctcccagc ccccatcgag  | 1020 |
| aaaaccatct ccaaagccaa agggcagccc cgagaaccac aggtgtacac cctgccccca  | 1080 |
| tccccggagg agatgaccaa gaaccaggtc agcctgacct gcctgggtcaa aggttctat  | 1140 |
| cccagcgaca tcgccgtgga gtgggagagc aatgggcagc cggagaacaa ctacaagacc  | 1200 |
| acgcctcccg tgetggactc cgacggctcc ttcttctct atagcaagct caccgtggac   | 1260 |
| aagagcaggt ggcagcaggg gaacgtcttc tcatgtccg tgatgcatga ggctctgcac   | 1320 |
| aaccactaca cgcagaagag cctctccctg tccccgggtt ga                     | 1362 |

<210> 161

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 161

|                                                                    |    |
|--------------------------------------------------------------------|----|
| caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60 |
|--------------------------------------------------------------------|----|

tcctgtgcag ccctcggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat cgcaggct 120  
ccagggaagg ggctggagt ggtttcattc attagtagta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcaactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggg 300

tatagcagtg gctgggagta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 480  
acgggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca agcccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gcccctatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagt ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgctg tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 162  
<211> 648  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3, 17C3, 3G4, TIM3.25 LC  
<400> 162

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagctact tagccttgta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgtg ttactgtcag cagtatggta gctcacgat caccttcggc 300  
caaggacac gactggagat taaacgtacg gtggctgcac catctgtctt catcttccc 360  
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420  
tatcccagag aggccaaagt acagtgaag gtggataacg ccctccaatc gggttaactcc 480  
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacctg 540

acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600  
ggcctgagct cgcccgctac aaagagcttc aacaggggag agtggttag 648

<210> 163

<211> 648

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, 8C4, 17C8 LC

<400> 163

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtc gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggt cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180  
gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgtg ttactgtcag cagtatggta gctcacctct cactttcggc 300  
ggagggacca aggtggagat caaacgtacg gtggctgcac catctgtctt catcttccc 360  
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420  
tatcccagag aggccaaagt acagtgaag gtggataacg ccctccaatc gggttaactcc 480  
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacctg 540  
acgctgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600  
ggcctgagct cgcccgctac aaagagcttc aacaggggag agtggttag 648

<210> 164

<211> 648

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK3) LC

<400> 164

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtc gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
 cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcaggccac tggcatccca 180  
 gacaggttca gtggcagtg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
 cctgaagatt ttgcagtgt ttactgtcag cagtatggta gctcacgct cactttcggc 300  
 ggagggacca aggtggagat caaacgtacg gtggctgcac catctgtctt catcttcccg 360

ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420  
 tatcccagag aggccaaagt acagtggag gtggataacg ccctccaatc gggtactcc 480  
 caggagagtgc tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacctg 540  
 acgtgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt caccatcag 600  
 ggcctgagct cgcccgctac aaagagcttc aacaggggag agtgtag 648

<210> 165

<211> 645

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK1) LC

<400> 165

gccatccagt tgaccagtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc 60

atcacttgcc gggcaagtc gggcattagc agtgcttag cctggtatca gcagaaacca 120  
 gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca 180  
 aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttactctca ccatcagcag cctgcagcct 240  
 gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt accctcggac gttcggccaa 300  
 gggaccaagg tggaaatcaa acgtacggtg gctgcacat ctgtcttcat ctcccgcca 360  
 tctgatgagc agttgaaatc tggaaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat 420  
 cccagagagg ccaaagtaca gtggaaggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag 480

gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg 540  
 ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgct gcgaagtcac ccatcagggc 600  
 ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gtttag 645

<210> 166

<211> 645

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK2) LC

<400> 166

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc | 60  |
| ctctcctgca gggccagtc gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa   | 120 |
| cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca | 180 |

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag  | 240 |
| cctgaagatt ttgcagtgtg ttactgtcag cagtatggta gctcactcac ttccggcgga  | 300 |
| gggaccaagg tggagatcaa acgtacggtg gctgcacat ctgtcttcat cttcccgcca   | 360 |
| tctgatgagc agttgaaatc tggaaactgcc tctgttgtgt gcctgctgaa taacttctat | 420 |
| cccagagagg ccaaagtaca gtggaagggtg gataacgccc tccaatcggg taactcccag | 480 |
| gagagtgtca cagagcagga cagcaaggac agcacctaca gcctcagcag caccctgacg  | 540 |
| ctgagcaaag cagactacga gaaacacaaa gtctacgcct gcgaagtcac ccatcagggc  | 600 |

|                                                   |     |
|---------------------------------------------------|-----|
| ctgagctcgc ccgtcacaaa gagcttcaac aggggagagt gttag | 645 |
|---------------------------------------------------|-----|

<210> 167

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 VH

<400> 167

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc   | 60  |
| acctgcaactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc | 120 |
| cagccccag ggaagggtc ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac    | 180 |
| tacaacctgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc    | 240 |
| tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg  | 300 |

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| gggccttacg gtgactacgc ccaactggttc gacccctggg gccaggaac cctggtcacc | 360 |
| gtctcctca                                                         | 369 |

<210> 168

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 VH

<400> 168

|                                                                  |    |
|------------------------------------------------------------------|----|
| caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc | 60 |
|------------------------------------------------------------------|----|

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagt cgtcactact ggaactggat ccggcagccc 120

ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat 180

tcctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gtctccctg 240

aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatactggg 300

tactacggta tggacatctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc a 351

<210> 169

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 VH

<400> 169

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagt cgttactact ggagctggat ccggcagccc 120

ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca ctgggagcac caactacaac 180

ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gtctccctg 240

aagctgagct ctgtgaccgc agcggacacg gccgtgtatt actgtgcgac agatacgggc 300

tactacggta tggacgtctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc a 351

<210> 170

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 VH

<400> 170

caggtgcagt tgggtgcagtc tggggtgag gtgaagaagc ctggggcctc agtgaaggtc 60

tcctgcaagg catctggata cactttcacc agctactata tgcaactgggt gcgacaggcc 120

cctggacaag ggcttgagtg gatgggaata atcaacccta ggggtgatag cataatctac 180

gcacagaagt tccagggcag agtcaccatg accagggaca cgtccacgag cacagtctac 240

atggagctga gcagcctgag atctgaggac acggccgtgt attactgtgc gagagatttc 300

tatgggtcgg gaaactacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 171

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 VH

<400> 171

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| cagtgtcagg tgcagctggg ggagctctggg ggaggcttgg tcaagcctgg agggtccttg | 60  |
| agactctcct gtgcagcctc tggattcacc ttcagtgact actacatgag ctggatccgc  | 120 |
| caggctccag ggaaggggct ggagtgggtt tcattcatta gtggtggtgg tagtaccata  | 180 |
|                                                                    |     |
| tactacgcag actctgtgaa gggccgattc accatctcca gggacaacgc caagaactcg  | 240 |
| ctgtttctgc aaatgaacag cctgagagtc gaggacacgg ctgtgtatta ctgtgcgaga  | 300 |
| gatggctata gcagtggctg gtactactac ggtatggacg tctggggcca agggaccgcg  | 360 |
| gtcaccgtct cctca                                                   | 375 |

<210> 172

<211> 378

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 VH

<400> 172

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| cagtgtcagg tgcagctggg ggagctctggg ggaggcttgg tcaagcctgg agggtccttg | 60  |
| agactctcct gtgcagcctc tggattcacc ttcagtgact actacatgag ctggatccgc  | 120 |
|                                                                    |     |
| caggctccag ggaaggggct ggagtgggtt tcattcatta gtactagtgg tagtatcata  | 180 |
| tactacgcag actctgtgaa gggccgattc accatctcca gggacaacgc caagaactca  | 240 |
| ctgtatctgc aaatgaacag cctgagagcc gaggacacgg ctgtgtatta ctgtgcgaga  | 300 |
| gaagggtata gcagcagctg gtcctactac tacggtatgg acgtctgggg ccaagggacc  | 360 |
| acggtcaccg tctcctca                                                | 378 |

<210> 173

<211> 375

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 VH

<400> 173

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| cagtgtcagg tgcagctggg ggagctctggg ggaggcttgg tcaagcctgg agggtccttg | 60  |
| agactctcct gtgcagcctc tggattcacc ttcagtgact actacatgag ctggatccgc  | 120 |

caggctccag ggaaggggct ggagtgggtt tcattcatta gtagtagtgg tagtatcata 180  
tactacgcag actctgtgaa gggccgattc accatctcca gggacaacgc caagaactca 240  
ctgtatctgc aaatgaacag cctgagagcc gaggacacgg ctgtgtatta ctgtgcgaga 300  
gatgggtata gcagtggctg ggagtactac ggtatggacg tctggggcca agggaccacg 360  
gtcaccgtct cctca 375

<210> 174

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, including the following 13A3 variants: N60Q; N60S; N60A;  
D101E; P102V;

<220><223> P102Y; P102L; N60Q and P102Y; 13A3 (N60Q, D101E) CDR1 (VH)

<400> 174

agtagaagtt actactgggg c 21

<210> 175

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, including the 8B9 (S61P) variant CDR1 (VH)

<400> 175

cgtcactact ggaac 15

<210> 176

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 CDR1 (VH)

<400> 176

cgttactact ggagc 15

<210> 177

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 CDR1 (VH)



<400> 177  
agctactata tgcac 15

<210> 178

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6, including the 9F6 (A108T) variant, 3G4

<220><223> 17C8, 14H7, TIM3.24, 23B3, TIM3.25 CDR1 (VH)

<400> 178

gactactaca tgagc 15

<210> 179

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, including the following 13A3 variants: D101E, P102V, P102Y,  
and P102L CDR2 (VH)

<400> 179

agtatctatt atagtgggtt cacctactac aaccctccc tcaagagt 48

<210> 180

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 CDR2 (VH)

<400> 180

tatatccatt acagtggaag caccaactac aattcctccc tcaagagt 48

<210> 181

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 CDR2 (VH)

<400> 181

tatatccatt aactgggag caccaactac aaccctccc tcaagagt 48

<210> 182

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C3 CDR2 (VH)

<400> 182

ataatcaacc ctaggggtga tagcataatc tacgcacaga agttccaggg c 51

<210> 183

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6, including the 9F6 (A108T) variant CDR2 (VH)

<400> 183

ttcattagtgt gtggtggttag taccatatac tacgcagact ctgtgaaggg c 51

<210> 184

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 CDR2 (VH)

<400> 184

ttcattagta ctagtggtag tatcatatac tacgcagact ctgtgaaggg c 51

<210> 185

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 CDR2 (VH)

<400> 185

ttcattagta gtagtggttag tatcatatac tacgcagact ctgtgaaggg c 51

<210> 186

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, including the following 13A3 variants: N60Q, N60S, N60A CDR3 (VH)

<400> 186  
 ggggggcccct acggtgacta cgcccactgg ttcgacccc 39

<210> 187  
 <211> 27  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 8B9, including the 8B9 (S61P) variant CDR3 (VH)  
 <400> 187  
 gatactgggt actacgggtat ggacatc 27

<210> 188  
 <211> 27  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 8C4 CDR3 (VH)  
 <400> 188  
 gatacgggct actacgggtat ggacgtc 27

<210> 189  
 <211> 42  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 17C3 CDR3 (VH)  
 <400> 189  
 gatttctatg gttcgggaaa ctactactac ggtatggacg tc 42

<210> 190  
 <211> 42  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 9F6, including the 9F6 (A108T) variant CDR3 (VH)  
 <400> 190  
 gatggctata gcagtggctg gtactactac ggtatggacg tc 42

<210> 191  
 <211> 45  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 CDR3 (VH)

<400> 191

gaagggtata gcagcagctg gtctactac tacggtatgg acgtc 45

<210> 192

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 17C8 CDR3 (VH)

<400> 192

gatgggtata gcagtggctg ggagtactac ggtatggacg tc 42

<210> 193

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, 17C3, 3G4, 23B3 (VK1), TIM3.25 VL

<400> 193

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtggt gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgtg ttactgtcag cagtatggta gctcacgat caccttcggc 300

caagggacac gactggagat taaa 324

<210> 194

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, 8C4, 17C8 , 9F6 (VK3) VL

<400> 194

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtggt gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

|                                                                         |     |
|-------------------------------------------------------------------------|-----|
| cctgaagatt ttgcagtgtg ttactgtcag cagtatggta gctcaccgct cactttcggc       | 300 |
| ggagggacca aggtggagat caaa                                              | 324 |
| <210> 195                                                               |     |
| <211> 321                                                               |     |
| <212> DNA                                                               |     |
| <213> Artificial Sequence                                               |     |
| <220><223> 9F6 (VK1) VL                                                 |     |
| <400> 195                                                               |     |
| gccatccagt tgaccacgtc tccatcctcc ctgtctgcat ctgtaggaga cagagtcacc       | 60  |
| atcacttgcc gggcaagtca gggcattagc agtgcttttag cctggatatca gcagaaacca     | 120 |
| gggaaagctc ctaagctcct gatctatgat gcctccagtt tggaaagtgg ggtcccatca       | 180 |
| aggttcagcg gcagtggatc tgggacagat ttactctca ccatcagcag cctgcagcct        | 240 |
| gaagattttg caacttatta ctgtcaacag tttaatagtt accctcggac gttcggccaa       | 300 |
| gggaccaagg tggaaatcaa a                                                 | 321 |
| <210> 196                                                               |     |
| <211> 321                                                               |     |
| <212> DNA                                                               |     |
| <213> Artificial Sequence                                               |     |
| <220><223> 9F6 (VK2) VL                                                 |     |
| <400> 196                                                               |     |
| gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc       | 60  |
| ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagctact tagccttgta ccagcagaaa       | 120 |
| cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcaggggcac tggcatccca       | 180 |
| gacaggttca gtggcagttg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag       | 240 |
| cctgaagatt ttgcagtgtg ttactgtcag cagtatggta gctcactcac tticggcgga       | 300 |
| gggaccaagg tggagatcaa a                                                 | 321 |
| <210> 197                                                               |     |
| <211> 36                                                                |     |
| <212> DNA                                                               |     |
| <213> Artificial Sequence                                               |     |
| <220><223> 13A3, 8B9, 8C4, 17C3, 9F6 (VK2, VK3)                         |     |
| <220><223> 3G4, 17C8, 14H7, TIM3.24, 23B3 (VK1, VK2), TIM3.25 CDR1 (VL) |     |

<400> 197

agggccagtc agagtgttag cagcagctac ttagcc 36

<210> 198

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK1) CDR1 (VL)

<400> 198

cgggcaagtc agggcattag cagtgcctta gcc 33

<210> 199

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, 8B9, 8C4, 17C3, 9F6 (VK2, VK3)

<220><223> 3G4, 17C8, 14H7, TIM3.24, 23B3 (VK1, VK2), TIM3.25 CDR2 (VL)

<400> 199

ggtgcatcca gcaggccac t 21

<210> 200

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK1) CDR2 (VL)

<400> 200

gatgcctcca gtttgaaag t 21

<210> 201

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3, 17C3, 3G4, 23B3 (VK1), TIM3.25 CDR3 (VL)

<400> 201

cagcagtatg gtagctcacc gatcacc 27

<210> 202

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9, 8C4, 9F6 (VK3), 17C8, 14H7, TIM3.24 CDR3 (VL)

<400> 202

cagcagtatg gtagctcacc gctcact 27

<210> 203

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (VK1) CDR3 (VL)

<400> 203

caacagttta atagttaccc tcggacg 27

<210> 204

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> CDR3 (VL)

<400> 204

cagcagtatg gtagctcact cact 24

<210> 205

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG1.1f HC

<400> 205

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccaactggttc gacccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgiga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggacccttg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaaagg ctctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 206  
<211> 1362  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> IgG1.1f HC  
<400> 206

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tactaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacgctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600



acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
  
 gttgagccca aatcttgiga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctec 780  
 cggacccttg aggtcacatg cgtgggtggg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgaggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080  
  
 cgaggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggicaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagt ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgtagc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtctctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362  
  
 <210> 207  
 <211> 1362  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> IgG1.1f HC  
 <400> 207  
  
 cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
  
 acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 tacgcaccgt ccctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcca gaaccagttc 240  
 tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccaactggtc gaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
 gtctctcag ctagcacaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggctgtccta 540  
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttgiga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccttg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

  

cagtacaaca gcacgtaccg tgtgttcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatec 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

  

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 208

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> IgG1.1f HC

<400> 208

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtg gttcacctac 180

tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacgctg tgtattattg tgcgacaggg 300

  

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gaaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

  

gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccttg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc aagacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgatg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtctcttca tgcctcgtga tgcattgagc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 209

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) IgG1.1f HC

<400> 209

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcaatg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtg gttcacctac 180

tacaaccgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacg ccaactggtc gacgtatggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctcag ctagcacaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgta caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagcttt cctcttcccc ccaaaaccca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc aagacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgatg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 210

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.1f HC

<400> 210

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tacaaccgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccaactggtc gactactggg gccagggaa cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggetgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaaggggccc cgtcagctct cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcattgagc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 211

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) IgG1.1f HC

<400> 211

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaaccgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccaactggttc gacctatggg gccagggaa cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccttc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggcctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttctga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaagggggcc cgtcagcttt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080

ggggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362  
 <210> 212  
 <211> 1362  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.1f HC  
 <400> 212

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gactactggg gccagggaa cctgggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200

cctcccgtgc tgactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 213

<211> 1344

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) IgG1.1f HC

<400> 213

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctgggtg ctccatcagt cgtcactact ggaactggat ccggcagccc 120  
ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat 180

ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240  
aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgagag agatactggg 300  
tactacggta tggacatctg gggccaagg accacggtca ccgtctcctc agctagcacc 360  
aagggcccat cggctctccc cctggcacc cctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420  
gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc gtggaactca 480  
ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggtgtcc tacagtctc aggactctac 540  
tccctcagca gcgtgggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac ctacatctgc 600

aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gagttgagcc caaatcttgt 660  
gacaaaactc acacatgccc accgtgccca gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720  
ttctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780  
tgctgtgtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840  
ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtaca cagcacgtac 900  
cgtgtgtgta gcgtctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960  
tgcaaggctt ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020

gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080  
aaccaggta gctgacctg cctggtcaaa ggtttctatc ccagcgacat cggcgtggag 1140  
tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt gctggactcc 1200  
gacggctcct tcttctcta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg gcagcagggg 1260  
aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320  
ctctccctgt ccccggttaa atga 1344

<210> 214

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (A108T) IgG1.1f HC

<400> 214

caggtgcagc tggtaggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtgggtg gtggtagtag catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt 240  
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc 300  
tatagcagtg gctggtacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaaggggcc cgtcagcttt cctcttcccc caaaaacca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 215

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q) IgG1.1f HC (no C-terminal K)



<400> 215

|                                                                   |      |
|-------------------------------------------------------------------|------|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc  | 60   |
| acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc | 120  |
| cagcccccag ggaaggggct ggagtggtt gggagtatct attatagtgg gttcacctac  | 180  |
|                                                                   |      |
| taccaaccgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc  | 240  |
| tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg | 300  |
| gggccctacg gtgactacgc ccactgggtt gaccctggg gccagggaa cctggtcacc   | 360  |
| gtctcctcag ctacgaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc   | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta | 540  |
| cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc  | 600  |
|                                                                   |      |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga  | 660  |
| gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc     | 720  |
| gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc  | 780  |
| cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag   | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg  | 960  |
| aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc acaaaagccc tccaagcag catcgagaaa   | 1020 |
|                                                                   |      |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc   | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc  | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag  | 1200 |
| cctcccgctg tggactccga cggctcctt ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag  | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac | 1320 |
| cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga                         | 1359 |

<210> 216

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 216

|                                                                  |    |
|------------------------------------------------------------------|----|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc | 60 |
|------------------------------------------------------------------|----|

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tactcacctg cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gacccctggg gccaggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg gcacctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200

cctcccgctg tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 217  
<211> 1359  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (N60A) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
<400> 217

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtcctc 60  
acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacgcaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccaactgggtc gacccctggg gccagggaa cctgggtcacc 360  
 gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacccctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctgggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtgggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttagagccca aatcttctga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaagggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
 cggacccctg aggtcacatg cgtgggtggg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg ctcttatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccagc 1200  
 cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 218

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 218

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctgggtgaagc cttcgagagc cctgtccctc 60  
 acctgcactg tcctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gaaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgta caaaactcac acatgccac cgtgccacg acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg ctctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgctg tggactccga cggtccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 219

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 219

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tacaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gacgtatggg gccagggaac cctggtcacc 360  
gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggctgtccta 540

cagtctctag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaagggggccc cgtcagtttt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccttg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcttgacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatec 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctcctgtcc ccgggttga 1359

<210> 220

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 220

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtg gttcacctac 180

tacaaccctt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggctgtccta 540

cagtctctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
 cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagge tctgcacaac 1320  
 cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 221  
 <211> 1359  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (P102L) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400>  
 > 221

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccagc ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gacctatggg gccagggaac cctggtcacc 360  
 gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaaggggcc cgtcagtcct cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcttgacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgtagc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 222  
<211> 1359  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
<400> 222

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaaccgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccaactggtc gactactggg gccaggaac cctggtcacc 360  
gtctctcag ctgacacaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg gccttgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaaggggcc cgtcagtcct cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgagggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcc aagacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 223

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 223

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt cgtcactact ggaactggat ccggcagccc 120  
 ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat 180  
 ccctccctca agagtgcagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gtctcctcctg 240  
 aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatactggg 300  
 tactacggta tggacatctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc agctagcacc 360

aagggcccat cggctctccc cctggcaccc tctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420  
 gccctgggct gcctggtcaa ggactacttc ccgaaccgg tgacggtgtc gtggaactca 480  
 ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggctgtcc tacagtcctc aggactctac 540  
 tccctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac ctacatctgc 600  
 aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gatttgagcc caaatcttgt 660  
 gacaaaactc acacatgccc accgtgccc gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720  
 ttcctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780

tgcgtggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840  
 ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa cagcacgtac 900



cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960  
 tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020  
 gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080  
 aaccaggta gcctgacctg cctgggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140  
 tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctccgt gctggactcc 1200  
  
 gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggatg gcagcagggg 1260  
 aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320  
 ctctccctgt ccccggttg a 1341  
 <210> 224  
 <211> 1359  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 9F6 (A108T) IgG1.1f HC (no C-terminal K)  
 <400> 224  
 caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
 tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
  
 ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtgggtg gtggtagtag catatactac 180  
 gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt 240  
 ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc 300  
 tatagcagtg gctggtagta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
 gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctgggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
  
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
 gaaggggccc cgtcagtcct cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780  
 cggaccctg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
  
 aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgtagc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 225

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q) IgG1.3f HC

<400> 225

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccagc ggaaggggct ggagtggtt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccaactggttc gaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtccctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagccc catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcattgagc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 226

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) IgG1.3f HC

<400> 226

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg ttcttggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tactcacgt cctcaagag tgcagtcacc ataccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

ttcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccaactggttc gacccctggg gccagggaa cctggtcacc 360

gtctctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccttc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggcctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagttt cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080

ggggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaata ga 1362  
 <210> 227  
 <211> 1362  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60A) IgG1.3f HC  
 <400> 227

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 tacgcaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gacccctggg gccagggaac cctgggtcacc 360  
 gtctcctcag ctacgaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttagcccaaatcttctgta caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
 cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaata ga 1362

<210> 228

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E) IgG1.3f HC

<400> 228

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc  | 60   |
| acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc  | 120  |
| cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac  | 180  |
| tacaaccctg ccctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc  | 240  |
|                                                                    |      |
| tccttgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg  | 300  |
| gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gaaccctggg gccagggaa cctggtcacc   | 360  |
| gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc  | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta  | 540  |
| cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc    | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga   | 660  |
|                                                                    |      |
| gttgagccca aatcttctga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc   | 720  |
| gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc | 780  |
| cggacccttg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag    | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg   | 960  |
| aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa  | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc    | 1080 |
|                                                                    |      |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc   | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg  | 1200 |
| cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag   | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac  | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga                     | 1362 |

<210> 229

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) IgG1.3f HC

<400> 229

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gacgtatggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagcttt cctcttcccc caaaaacca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tetgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 230

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.3f HC

<400> 230

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc  | 60   |
| acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc  | 120  |
| cagcccccag ggaaggggct ggagtggtatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac | 180  |
| tacaacccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc   | 240  |
| tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg  | 300  |
|                                                                    |      |
| gggcctacg gtgactacgc ccactgggttc gactactggg gccagggaac cctggtcacc  | 360  |
| gtctcctcag ctaccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc  | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg  | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta  | 540  |
| cagtccctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccttcag cagcttgggc  | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga   | 660  |
| gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc   | 720  |
|                                                                    |      |
| gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctec | 780  |
| cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag    | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag  | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg   | 960  |
| aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa   | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc    | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc   | 1140 |
|                                                                    |      |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg  | 1200 |
| cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag   | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac  | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga                     | 1362 |

<210> 231

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) IgG1.3f HC

<400> 231

|                                                                   |    |
|-------------------------------------------------------------------|----|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc | 60 |
|-------------------------------------------------------------------|----|

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gacctatggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 232

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.3f HC

<400> 232

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180



taccaaccgt ccctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccttgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacgc ccactggttc gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggcc cgtcagcttt cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg ctcttatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200

cctccctgctc tggactccga cggtctcttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 233

<211> 1344

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) IgG1.3f HC

<400> 233

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagt cgtcactact ggaactggat ccggcagccc 120

ccaggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat 180

ccctccctca agagtcagat caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg 240

aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatactggg 300

tactacggta tggacatctg gggccaaggg accacgggtca ccgtctcttc agctagcacc 360  
aagggcccat cggtcttccc cctggcacc cctccaaga gcacctctgg gggcacagcg 420  
gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacgggtgtc gtggaactca 480  
ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggtgtcc tacagtcttc aggactctac 540  
tccctcagca gcgtgggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac ctacatctgc 600

aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gagttgagcc caaatcttgt 660  
gacaaaactc acacatgccc accgtgccc gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc 720  
ttctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca 780  
tgctgggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac 840  
ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtaca cagcacgtac 900  
cgtgtgggtca gcgtctcac cgtctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag 960  
tgcaaggctt ccaacaaagc cctccagcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa 1020

gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag 1080  
aaccagggtca gcctgacctg cctgggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag 1140  
tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccggt gctggactcc 1200  
gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcagggtg gcagcagggg 1260  
aacgtcttct catgctccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc 1320  
ctctccctgt ccccggttaa atga 1344

<210> 234

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (A108T) IgG1.3f HC

<400> 234

caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttgggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccitcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggagtg ggtttcattc attagtgtgt gtggtagtag catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt 240  
ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc 300  
tatagcagtg gctggtacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtccctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgta caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggacccttg aggtcacatg cgtgggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg ctctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgctg tggactccga cggctcctt ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 235  
<211> 1359  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (N60Q) IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400> 235

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcaactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaacctg ccctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacgctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggccctacg gtgactacgc ccaactggtt gacccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
gtctcctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720

gaaggggcc cgicagtctt cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200

cctcccgctg tggactcca cggtctcttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320

cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 236

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 236

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tactaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acagtccaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctagaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttagagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tcttgacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggaactcca cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 237  
<211> 1359  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (N60A) IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400> 237

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tagcacctgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccaactggtc gaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttagagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgagggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgccca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gcccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 238

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (D101E) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 238

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaage cttcggagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacgc ccaactggtc gaaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
 gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
 accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagcttt cctcttcccc ccaaaaccca aggacacct catgatctcc 780  
 cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgagggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgccca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgtagc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 239  
<211> 1359  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (P102V) IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400> 239

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gacgtatggg gccagggaa cctgggtcacc 360  
gtctcctcag ctaccacaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaaggggccc cgtcagctt cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcctcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtagc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 240

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 240

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtgatt gggagtatct attatagtg gttcacctac 180

tacaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacg ccactgggtc gactactggg gccagggaa cctggtcacc 360

gtctcctcag ctagcacaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaagggggcc cgtcagttt cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140



agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 241  
<211> 1359  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (P102L) IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400>  
> 241

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tacaaccgt cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc cacttggttc gacctatggg gccagggaa cctggtcacc 360  
gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggcc cgicagtctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacacct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359  
 <210> 242  
 <211> 1359  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
 <400> 242  
 cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
 acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
 taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccactggttc gactactggg gccagggaac cctgggtcacc 360  
 gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg gcctctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttagcccaaatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780  
 cggacccttg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
 cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359  
 <210> 243

<211> 1341

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 243

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc  | 60   |
| acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc cgtcactact ggaactggat ccggcagccc  | 120  |
| ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat  | 180  |
| ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gttctccctg  | 240  |
| aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatactggg  | 300  |
| tactacggtg tggacatctg gggccaaggg accacggtca ccgtctcttc agctagcacc  | 360  |
|                                                                    |      |
| aagggcccat cggtcttccc cctggcacc cctccaaga gcacctctgg gggcacagcg    | 420  |
| gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacgggtgc gtggaactca | 480  |
| ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggctgtcc tacagtcttc aggactctac  | 540  |
| tccctcagca gcgtgggtgac cgtgccttcc agcagcttgg gcaccagac ctacatctgc  | 600  |
| aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gatttgagcc caaatcttgt  | 660  |
| gacaaaactc acacatgcc accgtgccc gcacctgaag ccgaaggggc cccgtcagtc    | 720  |
| tctctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc tgaggtcaca  | 780  |
|                                                                    |      |
| tgcgtgggtg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg gtacgtggac  | 840  |
| ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa cagcacgtac  | 900  |
| cgtgtggtca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa ggagtacaag  | 960  |
| tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccagcc cccatcgaga aaaccatctc caaagccaaa  | 1020 |
| gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga gatgaccaag  | 1080 |
| aaccaggtca gcctgacctg cctgggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat cgccgtggag | 1140 |
| tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgctcccggt gctggactcc  | 1200 |
|                                                                    |      |
| gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcagggtg gcagcagggg | 1260 |
| aacgtcttct catgtccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac gcagaagagc   | 1320 |
| ctctccctgt ccccggttg a                                             | 1341 |

<210> 244

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (A108T) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 244

|                                                                     |      |
|---------------------------------------------------------------------|------|
| caggtgcagc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc  | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct   | 120  |
| ccaggaagg ggctggagtg gggttcattc attagtgggtg gtggtagtag catatactac   | 180  |
| gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctgcgtgttt   | 240  |
| ctgcaaatga acagcctgag agtcgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagatggc   | 300  |
| tatagcagtg gctggtacta ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc   | 360  |
| gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc    | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg   | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta    | 540  |
| cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc    | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga    | 660  |
| gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc       | 720  |
| gaaggggccc cgtcagcttt cctcttcccc caaaaacca aggacacct catgatctcc     | 780  |
| cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag     | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgaggaggag | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg    | 960  |
| aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa   | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc     | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc  | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg   | 1200 |
| cctccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag     | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tetgcacaac   | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga                          | 1359 |

<210> 245

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q) VH

<400> 245

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc | 60  |
| acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc | 120 |
| cagcccccag ggaaggggct ggagtggtt gggagtatct attatagtgg gttcacctac  | 180 |
| taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc  | 240 |
| tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg | 300 |
| gggcctacg gtgactacgc ccactgggtt gaccctggg gccagggaac cctggtcacc   | 360 |

|           |     |
|-----------|-----|
| gtctcctca | 369 |
|-----------|-----|

<210> 246

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60S) VH

<400> 246

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc | 60  |
| acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc | 120 |
| cagcccccag ggaaggggct ggagtggtt gggagtatct attatagtgg gttcacctac  | 180 |
| tactcacctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc  | 240 |
| tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg | 300 |

|                                                                 |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|
| gggcctacg gtgactacgc ccactgggtt gaccctggg gccagggaac cctggtcacc | 360 |
|-----------------------------------------------------------------|-----|

|           |     |
|-----------|-----|
| gtctcctca | 369 |
|-----------|-----|

<210> 247

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60A) VH

<400> 247

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc | 60  |
| acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc | 120 |
| cagcccccag ggaaggggct ggagtggtt gggagtatct attatagtgg gttcacctac  | 180 |
| tacgcacctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc  | 240 |

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg | 300 |
|-------------------------------------------------------------------|-----|

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gacccctggg gccagggaaac cctggtcacc 360  
gtctcctca 369

<210> 248  
<211> 369  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (D101E) VH  
<400> 248

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gaacctggg gccagggaaac cctggtcacc 360  
gtctcctca 369

<210> 249  
<211> 369  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (P102V) VH  
<400> 249

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
tacaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gacgtatgg gccagggaaac cctggtcacc 360  
gtctcctca 369

<210> 250  
<211> 369  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (P102Y) VH

<400> 250

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gactactggg gccagggaaac cctggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 251

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) VH

<400> 251

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tacaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gacctatggg gccagggaaac cctggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 252

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, P102Y) VH

<400> 252

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaaccctg cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gactactggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 253

<211> 351

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 (S61P) VH

<400> 253

caggtgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagt cgtcactact ggaactggat ccggcagccc 120

ccagggaagg gactggagtg gattgggtat atccattaca gtggaagcac caactacaat 180

ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagaacca gtctccctg 240

aagctgagct ctgtgaccgc tgcggacacg gccgtgtatt actgtgcgag agatactggg 300

tactacggtg tggacatctg gggccaaggg accacggtca ccgtctctc a 351

<210> 254

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 (A108T) VH

<400> 254

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactggg ctggatccgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

tactaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 255

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q); 13A3 (N60Q, P102Y); 13A3 (N60Q, D101E) CDR2 (VH)



<400> 255  
 agtatctatt atagtgggtt cacctactac caaccgtccc tcaagagt 48

<210> 256  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60S) CDR2 (VH)  
 <400> 256  
 agtatctatt atagtgggtt cacctactac tcaccgtccc tcaagagt 48

<210> 257  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60A) CDR2 (VH)  
 <400> 257  
 agtatctatt atagtgggtt cacctactac gcaccgtccc tcaagagt 48

<210> 258  
 <211> 48  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 8B9 (S61P) CDR2 (VH)  
 <400> 258  
 tatatccatt acagtggaag caccaactac aatccctccc tcaagagt 48

<210> 259  
 <211> 39  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (D101E) CDR3 (VH)  
 <400> 259  
 ggggggccct acggtgacta cgcccactgg ttcgaacct 39

<210> 260  
 <211> 39  
 <212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102V) CDR3 (VH)

<400> 260

ggggggccct acggtgacta cgcccactgg ttcgacgta 39

<210> 261

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102Y); 13A3 (N60Q, P102Y); 13A3 (N60Q, D101E) CDR3 (VH)

<400> 261

ggggggccct acggtgacta cgcccactgg ttcgactac 39

<210> 262

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (P102L) CDR3 (VH)

<400> 262

ggggggccct acggtgacta cgcccactgg ttcgacctta 39

<210> 263

<211> 994

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> All antibodies HC Constant Domain (IgG1.1f)

<400> 263

agctagcacc aagggcccat cgggtttccc cctggcacc tctccaaga gcacctctgg 60

gggcacagcg gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc 120

gtggaactca ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggctgtcc tacagtcctc 180

aggactctac tccctcagca gcgtgggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcacccagac 240

ctacatctgc aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gatttgagcc 300

caaatcttgt gacaaaactc acacatgccc accgtgccc gcacctgaag ccgaaggggc 360

cccgtcagtc ttctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcattgatc cccggacccc 420

tgaggtcaca tgcgtgggtg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg 480

gtacgtggac ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa 540

cagcacgtac cgtgtggta cgcctctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa 600  
ggagtacaag tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc 660

caaagccaaa gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga 720  
gatgaccaag aaccaggta ccttgacctg cctgggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat 780  
cgccgtggag tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt 840  
gctggactcc gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg 900  
gcagcagggg aacgtcttct catgtctcgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac 960  
gcagaagagc ctctccctgt ccccggttaa atga 994

<210> 264  
<211> 991  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence

<220><223> All antibodies HC Constant Domain (IgG1.1f) (no C-terminal K)  
<400> 264

agctagcacc aagggcccat cggctttccc cctggcacc tctccaaga gcacctctgg 60  
gggcacagcg gccctgggt ccttggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc 120  
gtggaactca ggcgcctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggtgttcc tacagtctc 180  
aggactctac tccctcagca gcgtggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac 240  
ctacatctgc aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gaggtagacc 300  
caaatcttgt gacaaaactc acacatgccc accgtgcca gcacctgaag ccgaaggggc 360

cccgtagtc ttcctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc 420  
tgaggtcaca tgcgtggtgg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg 480  
gtacgtggac ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa 540  
cagcacgtac cgtgtggta cgcctctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa 600  
ggagtacaag tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccaagc agcatcgaga aaaccatctc 660  
caaagccaaa gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga 720  
gatgaccaag aaccaggta ccttgacctg cctgggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat 780

cgccgtggag tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctcccgt 840  
gctggactcc gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg 900  
gcagcagggg aacgtcttct catgtctcgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac 960  
gcagaagagc ctctccctgt ccccggttg a 991

<210> 265

<211> 994

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> All antibodies HC Constant Domain (IgG1.3f)

<400> 265

agctagcacc aagggcccat cggctcttccc cctggcaccc tctccaaga gcacctctgg 60

gggcacagcg gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc 120

gtggaactca ggcgcctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggtgttcc tacagtcctc 180

aggactctac tccctcagca gcgtgggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcaccagac 240

ctacatctgc aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gatttgagcc 300

caaatcttgt gacaaaactc acacatgccc accgtgcca gcacctgaag ccgaaggggc 360

cccgtagtc ttctcttccc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc 420

tgaggtcaca tgcgtgggtg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg 480

gtacgtggac ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa 540

cagcacgtac cgtgtgtgca gcgtcctcac cgtcctgcac caggactggc tgaatggcaa 600

ggagtacaag tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccagcc cccatcgaga aaacctctc 660

caaagccaaa gggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga 720

gatgaccaag aaccaggtca gcctgacctg cctgggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat 780

cgccgtggag tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctccgt 840

gctggactcc gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg 900

gcagcagggg aacgtcttct catgtccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac 960

gcagaagagc ctctccctgt ccccggttaa atga 994

<210> 266

<211> 991

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> All antibodies HC Constant Domain (IgG1.3f) (no C-terminal K)

<400> 266

agctagcacc aagggcccat cggctcttccc cctggcaccc tctccaaga gcacctctgg 60

gggcacagcg gccctgggct gcctgggtcaa ggactacttc cccgaaccgg tgacggtgtc 120

gtggaactca ggcgccctga ccagcggcgt gcacaccttc ccggtgttcc tacagtcttc 180

aggactctac tccctcagca gcgtgggtgac cgtgccctcc agcagcttgg gcacccagac 240

ctacatctgc aacgtgaatc acaagcccag caacaccaag gtggacaaga gagttgagcc 300

caaatcttgt gacaaaactc acacatgccc accgtgccca gcacctgaag ccgaaggggc 360

cccgctcagtc ttctcttcc ccccaaaacc caaggacacc ctcatgatct cccggacccc 420

tgaggtcaca tgcgtgggtg tggacgtgag ccacgaagac cctgaggtca agttcaactg 480

glacgtggac ggcgtggagg tgcataatgc caagacaaag ccgcgggagg agcagtacaa 540

cagcacgtac cgtgtgttca gcgtcttcac cgtctgcac caggactggc tgaatggcaa 600

ggagtacaag tgcaaggtct ccaacaaagc cctcccagcc cccatcgaga aaacctctc 660

caaagccaaa ggcagcccc gagaaccaca ggtgtacacc ctgcccccat cccgggagga 720

gatgaccaag aaccaggta gcctgacctg cctggtcaaa ggcttctatc ccagcgacat 780

cgccgtggag tgggagagca atgggcagcc ggagaacaac tacaagacca cgcctccgt 840

gctggactcc gacggctcct tcttctctta tagcaagctc accgtggaca agagcaggtg 900

gcagcagggg aacgtcttct catgtccgt gatgcatgag gctctgcaca accactacac 960

gcagaagagc ctctccctgt ccccggttg a 991

<210> 267

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide

<400> 267

Met Asp Trp Thr Trp Arg Val Phe Cys Leu Leu Ala Val Ala Pro Gly

1 5 10 15

Ala His Ser

<210> 268

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide

<400> 268

Met Glu Thr Pro Ala Gln Leu Leu Phe Leu Leu Leu Trp Leu Pro

1 5 10 15

Asp Thr Thr Gly

20

<210> 269

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide

<400> 269

Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp

1 5 10 15

Val Leu Ser

<210> 270

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide

<400> 270

Met Glu Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Ile Ile Lys Gly

1 5 10 15

Val Gln Cys

<210> 271

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide

<400> 271

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

1 5 10 15

Pro Gly Ala Arg Cys

20

<210> 272  
 <211> 43  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> Signal Peptide  
 <400> 272  
 atggactgga cctggagggt cttctgcttg ctggctgtag ctc 43  
 <210> 273  
  
 <211> 60  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> Signal Peptide  
 <400> 273  
 atggaaaccc cagcgcagct tctcttctc ctgctactct ggctcccaga taccaccgga 60  
 <210> 274  
 <211> 57  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> Signal Peptide  
 <400> 274  
 atgaagcacc tgtggttctt cctcctgctg gtggcggtc ccagatgggt cctgtcc 57  
 <210> 275  
 <211> 51  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> Signal Peptide  
 <400> 275  
 atggagtttg ggctgagctg gggtttcctt gttgctatta taaaaggtgt c 51  
  
 <210> 276  
 <211> 66  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> Signal Peptide

<400> 276

atggacatga gggccccgc tcagtcctg gggcttctgc tgctctggct cccaggtgcc 60  
agatgt 66

<210> 277

<211> 330

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human IgG1 (allotypic variant)

<400> 277

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys  
1 5 10 15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr  
20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser  
35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser  
50 55 60

Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr  
65 70 75 80

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys  
85 90 95

Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys  
100 105 110

Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro  
115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys  
130 135 140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp  
145 150 155 160

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu  
165 170 175

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu



180 185 190  
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn  
195 200 205

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly  
210 215 220  
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu  
225 230 235 240  
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr  
245 250 255  
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn  
260 265 270

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe  
275 280 285  
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn  
290 295 300  
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr  
305 310 315 320  
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
325 330

<210> 278

<211> 107

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> human IgG1 kappa light chain

<400> 278

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

Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser

50

55

60

Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu

65

70

75

80

Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

85

90

95

Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys

100

105

<210> 279

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> LSPGK (C-terminal end of heavy chain)

<400> 279

Leu Ser Pro Gly Lys

1

5

<210> 280

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> LSPG (C-terminal end of heavy chain)

<400> 280

Leu Ser Pro Gly

1

<210> 281

<211> 3

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> LSP (C-terminal end of heavy chain)

<400> 281

Leu Ser Pro

1

<210> 282

<211> 7  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> X1X2X3X4YX5X6 (VH CDR1 degenerate)  
 <220><221> misc\_feature  
  
 <222> (1)..(4)  
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid  
 <220><221> misc\_feature  
 <222> (6)..(7)  
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid  
 <400> 282  
 Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa  
 1 5  
 <210> 283  
 <211> 17  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> X11X2X3X4GX5X6X7X8YX9X10X11X12X13X14 (VH CDR2 degenerate)  
 <220><221> misc\_feature  
 <222> (1)..(1)  
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid  
 <220><221> misc\_feature  
  
 <222> (3)..(5)  
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid  
 <220><221> misc\_feature  
 <222> (7)..(10)  
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid  
 <220><221> misc\_feature  
 <222> (12)..(17)  
 <223> Xaa can be any naturally occurring amino acid  
 <400> 283  
 Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa  
 1 5 10 15

Xaa

<210> 284

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> X1X2X3X4X5X6X7X8X9X10X11X12X13X14X15X16X17X18X19X20 (VH CDR3

degenerate)

<220><221> misc\_feature

<222> (1)..(20)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 284

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa

20

<210> 285

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> QQX1X2SX3X4X5T (VL CDR1 degenerate)

<220><221> misc\_feature

<222> (3)..(4)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<220><221> misc\_feature

<222> (6)..(9)

<223> Xaa can be any naturally occurring amino acid

<400> 285

Gln Gln Xaa Xaa Ser Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 286

<211> 300

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3 Isoform 1 (aa)

<400> 286

Met Phe Ser His Leu Pro Phe Asp Cys Val Leu Leu Leu Leu Leu Leu

1 5 10 15

Leu Leu Thr Arg Ser Ser Glu Val Glu Tyr Arg Ala Glu Val Gly Gln

20 25 30

Asn Ala Tyr Leu Pro Cys Phe Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu

35 40 45

Val Pro Val Cys Trp Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly

50 55 60

Asn Val Val Leu Arg Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

Gln Ile Pro Gly Ile Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val

115 120 125

Ile Lys Pro Ala Lys Val Thr Pro Ala Pro Thr Arg Gln Arg Asp Phe

130 135 140

Thr Ala Ala Phe Pro Arg Met Leu Thr Thr Arg Gly His Gly Pro Ala

145 150 155 160

Glu Thr Gln Thr Leu Gly Ser Leu Pro Asp Ile Asn Leu Thr Gln Ile

165 170 175

Ser Thr Leu Ala Asn Glu Leu Arg Asp Ser Arg Leu Ala Asn Asp Leu

180 185 190

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

195 200 205

Ile Cys Ala Gly Leu Ala Leu Ala Leu Ile Phe Gly Ala Leu Ile Phe

210 215 220

Lys Trp Tyr Ser His Ser Lys Glu Lys Ile Gln Asn Leu Ser Leu Ile  
 225 230 235 240  
 Ser Leu Ala Asn Leu Pro Pro Ser Gly Leu Ala Asn Ala Val Ala Glu  
 245 250 255  
 Gly Ile Arg Ser Glu Glu Asn Ile Tyr Thr Ile Glu Glu Asn Val Tyr  
 260 265 270  
 Glu Val Glu Glu Pro Asn Glu Tyr Tyr Cys Tyr Val Ser Ser Arg Gln  
 275 280 285

Gln Pro Ser Gln Pro Leu Gly Cys Arg Phe Ala Met  
 290 295 300

<210> 287

<211> 142

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 287

Met Phe Ser His Leu Pro Phe Asp Cys Val Leu Leu Leu Leu Leu Leu  
 1 5 10 15  
 Leu Leu Thr Arg Ser Ser Glu Val Glu Tyr Arg Ala Glu Val Gly Gln  
 20 25 30  
 Asn Ala Tyr Leu Pro Cys Phe Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu  
 35 40 45

Val Pro Val Cys Trp Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly  
 50 55 60  
 Asn Val Val Leu Arg Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser  
 65 70 75 80  
 Arg Tyr Trp Leu Asn Gly Asp Phe Arg Lys Gly Asp Val Ser Leu Thr  
 85 90 95  
 Ile Glu Asn Val Thr Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile  
 100 105 110

Gln Ile Pro Gly Ile Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val  
 115 120 125  
 Ile Lys Pro Gly Glu Trp Thr Phe Ala Cys His Leu Tyr Glu

|                                                                    |              |      |  |
|--------------------------------------------------------------------|--------------|------|--|
| 130                                                                | 135          | 140  |  |
| <210>                                                              | 288          |      |  |
| <211>                                                              | 2448         |      |  |
| <212>                                                              | DNA          |      |  |
| <213>                                                              | Homo sapiens |      |  |
| <400>                                                              | 288          |      |  |
| agaacactta caggatgtgt gtagtgtggc atgacagaga actttggttt cctttaatgt  |              | 60   |  |
| gactgtagac ctggcagtgt tactataaga atcactggca atcagacacc cgggtgtgct  |              | 120  |  |
| gagctagcac tcagtggggg cggctactgc tcatgtgatt gtggagtaga cagttggaag  |              | 180  |  |
| aagtaccag tccatttga gagttaaacc tgtgcctaac agaggtgtcc tctgactttt    |              | 240  |  |
| cttctgcaag ctccatgttt tcacatcttc cctttgactg tgtcctgctg ctgctgctgc  |              | 300  |  |
| tactacttac aaggctcctca gaagtggaa acagagcggg ggtcgggtcag aatgcctatc |              | 360  |  |
| tgccctgctt ctacacccca gccgccccag ggaacctcgt gccctgtctg tggggcaaag  |              | 420  |  |
| gagcctgtcc tgtgtttgaa tgtggcaacg tgggtgctcag gactgatgaa agggatgtga |              | 480  |  |
| attattggac atccagatag tggctaaatg gggatttccg caaaggagat gtgtccctga  |              | 540  |  |
| ccatagagaa tgtgactcta gcagacagtg ggatctactg ctgccggatc caaatcccag  |              | 600  |  |
| gcataatgaa tgatgaaaaa tttaacctga agttgggtcat caaaccagcc aaggtcaccc |              | 660  |  |
| ctgcaccgac tcggcagaga gacttcactg cagcctttcc aaggatgctt accaccaggg  |              | 720  |  |
| gacatggccc agcagagaca cagacactgg ggagcctccc tgatataaat ctaacacaaa  |              | 780  |  |
| tatccacatt ggccaatgag ttacgggact ctgatttggc caatgactta cgggactctg  |              | 840  |  |
| gagcaacat cagaatagcg atctacatcg gagcagggat ctgtgctggg ctggctctgg   |              | 900  |  |
| ctcttatctt cggcgcttta attttcaa atgtattctca tagcaaagag aagatacaga   |              | 960  |  |
| atttaagcct catctctttg gccaacctcc ctccctcagg attggcaaat gcagtagcag  |              | 1020 |  |
| aggggaattcg ctgagaagaa aacatctata ccattgaaga gaacgtatat gaagtggagg |              | 1080 |  |
| agcccaatga gtattattgc tatgtcagca gcaggcagca accctcaca cctttgggtt   |              | 1140 |  |
| gtcgttttgc aatgccatag atccaaccac cttatttttg agcttgggtt tttgtctttt  |              | 1200 |  |
| tcagaaacta tgagctgtgt cacctgactg gttttggagg ttctgtccac tgctatggag  |              | 1260 |  |
| cagagtttcc ccatcttcag aagataatga ctacatggg aattgaactg ggacctgcac   |              | 1320 |  |
| tgaacttaaa caggcatgtc attgcctctg tatttaagcc aacagagtta cccaaccag   |              | 1380 |  |
| agactgttaa tcatggatgt tagagctcaa acgggctttt atatacacta ggaattcttg  |              | 1440 |  |
| acgtgggggtc tctggagctc caggaaattc gggcacatca tatgtccatg aaacttcaga |              | 1500 |  |

taaactaggg aaaactgggt gctgaggtga aagcataact tttttggcac agaaagtcta 1560  
aaggggccac tgattttcaa agagatctgt gatccctttt tgttttttgt ttttgagatg 1620  
gagtcttgct ctgttgccca ggctggagtg caatggcaca atctcggtc actgcaagct 1680  
ccgcctcctg gggtcaagcg attctcctgc ctcagcctcc tgagtggctg ggattacagg 1740  
catgcaccac catgccacg taatttggtg tatttttagt agagacaggg tttcaccatg 1800  
ttggccagtg tgggtctcaa ctctgacct catgattgc ctgcctcggc ctcccaaagc 1860

actgggatta caggcgtgag ccaccacatc cagccagtga tccttaaaag attaagagat 1920  
gactggacca ggtctacctt gatcttgaag attcccttgg aatgttgaga tttaggctta 1980  
tttgagcact gcctgcccaa ctgtcagtg cagtgcatag cctttctttt gtctccctta 2040  
tgaagactgc cctgcagggc tgagatgtgg caggagctcc cagggaaaaa cgaagtgcac 2100  
ttgattggtg tgtattggcc aagttttgct tgttgtgtgc ttgaaagaaa atatctctga 2160  
ccaacttctg tattcgtgga ccaaactgaa gctatatatt tcacagaaga agaagcagtg 2220  
acggggacac aaattctgtt gcctgggtgga aagaaggcaa aggccttcag caatctatat 2280

taccagcgtt ggatcctttg acagagagtg gtccttaaac tttaaatttca agacgtata 2340  
ggcttgatct gtcttgctta ttgttgcccc ctgcgcctag cacaattctg acacacaatt 2400  
ggaacttact aaaaattttt ttttactgtt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2448

<210> 289

<211> 1012

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 289

actgctcatg tgatttgga gtagacagtt ggaagaagta ccagtcacat ttggagagtt 60  
aaaactgtgc ctaacagagg tgtcctctga cttttcttct gcaagctcca tgttttcaca 120  
tcttcctttt gactgtgtcc tgctgtgtgt gctgtacta cttacaaggt cctcagaagt 180

ggaatacaga gcggaggctg gtcagaatgc ctatctgccc tgcttctaca cccagccgc 240  
cccagggaac ctctgcccc tctgtgtggg caaaggagcc tgtcctgtgt ttgaatgtgg 300  
caactgggtg ctcaggactg atgaaaggga tgtgaattat tggacatcca gatactggct 360  
aaatggggat ttccgcaaag gagatgtgtc cctgaccata gagaatgtga ctctagcaga 420  
cagtgggatc tactgtgtcc ggatccaaat cccaggcata atgaatgatg aaaaatttaa 480  
cctgaagttg gtcatcaaac caggtgagtg gacatttgca tgccatcttt atgaataaga 540  
tttatctgtg gatcatatta aaggtactga ttgttctcat ctctgacttc cctaattata 600



gccctggagg agggccacta agacctaaag tttaacaggc cccattgggtg atgctcagtg 660  
atatttaaca cttctctctt gttttaaaac tcatgggtgt gcctgggcgt ggtggctcgc 720  
gcctctggtc ccagcacttt gggaggctga ggccggtgga tcatgaggtc aggaattcga 780  
gaccagcctg gccaacatgg taaaaccttg tctccactaa aaatacaaaa aattagccag 840  
gcatggttac gggagcctgt aattctagct acttgggggg ctgaagcagg agaatcactt 900  
gaacctggaa gtcggaggtt gcggttaagcc aagatctcgc cattgtactc cagcctggct 960  
gacaagagtg aaactctgtc ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1012

<210> 290

<211> 181

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 290

Ser Glu Val Glu Tyr Arg Ala Glu Val Gly Gln Asn Ala Tyr Leu Pro

1 5 10 15

Cys Phe Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu Val Pro Val Cys Trp

20 25 30

Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly Asn Val Val Leu Arg

35 40 45

Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser Arg Tyr Trp Leu Asn

50 55 60

Gly Asp Phe Arg Lys Gly Asp Val Ser Leu Thr Ile Glu Asn Val Thr

65 70 75 80

Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile

85 90 95

Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val Ile Lys Pro Ala Lys

100 105 110

Val Thr Pro Ala Pro Thr Arg Gln Arg Asp Phe Thr Ala Ala Phe Pro

115 120 125

Arg Met Leu Thr Thr Arg Gly His Gly Pro Ala Glu Thr Gln Thr Leu

130 135 140

Gly Ser Leu Pro Asp Ile Asn Leu Thr Gln Ile Ser Thr Leu Ala Asn

145 150 155 160

Glu Leu Arg Asp Ser Arg Leu Ala Asn Asp Leu Arg Asp Ser Gly Ala  
165 170 175  
Thr Ile Arg Ile Gly  
180  
<210  
> 291  
<211> 330  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens  
<400> 291  
Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys  
1 5 10 15  
Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr  
20 25 30  
Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser  
35 40 45  
Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser  
50 55 60  
Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr  
65 70 75 80  
Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys  
85 90 95  
Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys  
100 105 110  
Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro  
115 120 125  
Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys  
130 135 140  
Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp  
145 150 155 160  
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu  
165 170 175

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu

180 185 190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn

195 200 205

Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly

210 215 220

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu

225 230 235 240

Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr

245 250 255

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn

260 265 270

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe

275 280 285

Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn

290 295 300

Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr

305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325 330

<210> 292

<211> 327

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 292

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser  
 50 55 60  
 Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr  
 65 70 75 80  
 Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys  
 85 90 95  
 Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro  
 100 105 110  
 Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys  
 115 120 125  
 Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val  
 130 135 140  
 Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp  
 145 150 155 160  
 Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe  
 165 170 175  
 Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp  
 180 185 190  
 Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu  
 195 200 205  
 Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg  
 210 215 220  
 Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys  
 225 230 235 240  
 Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp  
 245 250 255  
 Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys  
 260 265 270  
 Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser  
 275 280 285  
 Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser

290 295 300  
 Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser  
 305 310 315 320  
 Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

325

<210> 293

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 293

Arg Thr Val Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu  
 1 5 10 15  
 Gln Leu Lys Ser Gly Thr Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe

20 25 30  
 Tyr Pro Arg Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln  
 35 40 45  
 Ser Gly Asn Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser  
 50 55 60  
 Thr Tyr Ser Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu  
 65 70 75 80  
 Lys His Lys Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser

85 90 95  
 Pro Val Thr Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys  
 100 105

<210> 294

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 294

Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys  
 1 5 10 15  
 Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr  
 20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35

40

45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50

55

60

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

65

70

75

80

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85

90

95

Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys

100

105

110

Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro

115

120

125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys

130

135

140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp

145

150

155

160

Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu

165

170

175

Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu

180

185

190

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn

195

200

205

Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly

210

215

220

Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu

225

230

235

240

Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr

245

250

255

Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn

260

265

270

Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe

275 280 285  
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn

290 295 300  
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr  
305 310 315 320

Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325 330

<210> 295

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 295

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

1 5 10 15

Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr

20 25 30

Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser

35 40 45

Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser

50 55 60

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

65 70 75 80

Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys

85 90 95

Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys

100 105 110

Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro

115 120 125

Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys

130 135 140

Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp

145                      150                      155                      160  
Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu  
                         165                      170                      175  
Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu  
                         180                      185                      190  
His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn  
                         195                      200                      205  
Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly

                         210                      215                      220  
Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu  
225                      230                      235                      240  
Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr  
                         245                      250                      255  
Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn  
                         260                      265                      270  
Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe

                         275                      280                      285  
Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn  
                         290                      295                      300  
Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr  
305                      310                      315                      320  
Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
                         325                      330

<210> 296

<211> 7

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 296

Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly

1                      5

<210> 297

<211> 12



<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 297

Trp Thr Ser Arg Tyr Trp Leu Asn Gly Asp Phe Arg

1 5 10

<210> 298

<211> 10

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 298

Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile Met Asn Asp

1 5 10

<210> 299

<211> 99

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 299

Ser Glu Val Glu Tyr Arg Ala Glu Val Gly Gln Asn Ala Tyr Leu Pro

1 5 10 15

Cys Phe Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu Val Pro Val Cys Trp

20 25 30

Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly Asn Val Val Leu Arg

35 40 45

Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser Arg Tyr Trp Leu Asn

50 55 60

Gly Asp Phe Arg Lys Gly Asp Val Ser Leu Thr Ile Glu Asn Val Thr

65 70 75 80

Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile

85 90 95

Met Asn Asp

<210> 300

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Linker

<400> 300

Pro Val Gly Val Val

1 5

<210> 301

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 hIgG4 HC

<400> 301

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445  
 Gly Lys  
 450  
 <210> 302  
 <211> 449  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 hIgG4 HC (without C-terminal K)  
  
 <400> 302  
 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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                                  165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                                  180                      185                      190  
  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
                                  195                      200                      205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
                                  210                      215                      220  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                                  245                      250                      255  
  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
                                  260                      265                      270  
 Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
                                  275                      280                      285  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
                                  290                      295                      300  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305                      310                      315                      320  
  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
                                  325                      330                      335  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
                                  340                      345                      350  
 Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
                                  355                      360                      365  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
                                  370                      375                      380  
  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385                      390                      395                      400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415  
Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430  
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly

<210> 303

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3 13A3 IgG4P HC

<400> 303

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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125  
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
130 135 140

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

385                      390                      395                      400  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
                          405                      410                      415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
                          420                      425                      430  
  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
                          435                      440                      445  
 Gly Lys  
                          450  
 <210> 304  
 <211> 449  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> TIM3.5 13A3 IgG4P HC (without C-terminal K)  
 <400> 304  
 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 Arg  
                          20                      25                      30  
  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
                          35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
                          100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                          115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser



130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                                  165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                                  180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
                                  195                      200                      205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
                                  210                      215                      220  
  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                                  245                      250                      255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
                                  260                      265                      270  
 Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
                                  275                      280                      285  
  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
                                  290                      295                      300  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305                      310                      315                      320  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
                                  325                      330                      335  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
                                  340                      345                      350  
  
 Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
                                  355                      360                      365  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
                                  370                      375                      380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445

Gly

<210> 305

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.10 13A3 (N60Q) IgG4P HC

<400> 305

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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125

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

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370                      375                      380  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385                      390                      395                      400  
  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
                     405                      410                      415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
                     420                      425                      430  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
                     435                      440                      445  
 Gly Lys  
                     450  
 <210> 306  
 <211> 449  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> TIM3.10 13A3 (N60Q) IgG4P HC (without C-terminal K)  
  
 <400> 306  
 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 Arg  
                     20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
                     35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
                     100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |     |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu |     |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |     |
| Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr |     |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |     |
| Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu |     |     |     |
| 355                                                             | 360 | 365 |     |

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly

<210> 307

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.11 13A3 (N60S) IgG4P HC

<400> 307

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Ser 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro

|                                                                 |     |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|-----|
| 100                                                             | 105 | 110 |     |
| Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly |     |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |     |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser |     |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |     |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 | 160 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |     |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |     |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val |     |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |     |
| Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys |     |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |     |
| Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly |     |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 | 240 |
| Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile |     |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |     |
| Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu |     |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |     |
| Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His |     |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |     |
| Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg |     |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |     |
| Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys |     |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 | 320 |
| Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu |     |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |     |
| Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr |     |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |     |

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 308

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.11 13A3 (N60S) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 308

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

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

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
 405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445

Gly

<210> 309

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.12 13A3 (N60A) IgG4P HC

<400> 309

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 Arg  
 20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

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

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 310

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.12 13A3 (N60A) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 310

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

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

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly

<210> 311

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.13 13A3 (D101E) IgG4P HC

<400> 311

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35                                      40                                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro  
 100                                      105                                      110  
  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115                                      120                                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
 130                                      135                                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                                      150                                      155                                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165                                      170                                      175  
  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180                                      185                                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
 195                                      200                                      205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
 210                                      215                                      220  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225                                      230                                      235                                      240  
  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245                                      250                                      255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
 260                                      265                                      270  
 Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275                                      280                                      285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 312

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.13 13A3 (D101E) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 312

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 Arg



|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 20                                                              | 25  | 30  |
| Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu |     |     |
| 35                                                              | 40  | 45  |
| Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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  |
| Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr |     |     |
| 85                                                              | 90  | 95  |
| Cys Ala Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro |     |     |
| 100                                                             | 105 | 110 |
| Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly |     |     |
| 115                                                             | 120 | 125 |
| Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser |     |     |
| 130                                                             | 135 | 140 |
| Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val |     |     |
| 145                                                             | 150 | 155 |
| Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe |     |     |
| 165                                                             | 170 | 175 |
| Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |
| Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |
| Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 |
| Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |
| Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly

<210> 313

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.14 13A3 (P102V) IgG4P HC

<400> 313

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 Arg

20                      25                      30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35                      40                      45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val

100                      105                      110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115                      120                      125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130                      135                      140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145                      150                      155                      160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165                      170                      175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180                      185                      190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195                      200                      205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210                      215                      220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

225                      230                      235                      240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245                      250                      255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 314

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM 3.14 13A3 (P102V) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 314

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
|     |     |     |     | 245 |     |     |     | 250 |     |     |     | 255 |     |     |     |
| Ser | Arg | Thr | Pro | Glu | Val | Thr | Cys | Val | Val | Val | Asp | Val | Ser | Gln | Glu |
|     |     |     |     | 260 |     |     |     | 265 |     |     |     | 270 |     |     |     |
| Asp | Pro | Glu | Val | Gln | Phe | Asn | Trp | Tyr | Val | Asp | Gly | Val | Glu | Val | His |
|     |     |     |     | 275 |     |     |     | 280 |     |     |     | 285 |     |     |     |
| Asn | Ala | Lys | Thr | Lys | Pro | Arg | Glu | Glu | Gln | Phe | Asn | Ser | Thr | Tyr | Arg |
|     |     |     |     | 290 |     |     |     | 295 |     |     |     | 300 |     |     |     |
| Val | Val | Ser | Val | Leu | Thr | Val | Leu | His | Gln | Asp | Trp | Leu | Asn | Gly | Lys |
| 305 |     |     |     | 310 |     |     |     | 315 |     |     |     | 320 |     |     |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Glu | Tyr | Lys | Cys | Lys | Val | Ser | Asn | Lys | Gly | Leu | Pro | Ser | Ser | Ile | Glu |
|     |     |     |     | 325 |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     | 335 |     |
| Lys | Thr | Ile | Ser | Lys | Ala | Lys | Gly | Gln | Pro | Arg | Glu | Pro | Gln | Val | Tyr |
|     |     |     |     | 340 |     |     |     | 345 |     |     |     |     |     | 350 |     |
| Thr | Leu | Pro | Pro | Ser | Gln | Glu | Glu | Met | Thr | Lys | Asn | Gln | Val | Ser | Leu |
|     |     |     |     | 355 |     |     |     | 360 |     |     |     |     |     | 365 |     |
| Thr | Cys | Leu | Val | Lys | Gly | Phe | Tyr | Pro | Ser | Asp | Ile | Ala | Val | Glu | Trp |
|     |     |     |     | 370 |     |     |     | 375 |     |     |     |     |     | 380 |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Glu | Ser | Asn | Gly | Gln | Pro | Glu | Asn | Asn | Tyr | Lys | Thr | Thr | Pro | Pro | Val |
| 385 |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     | 395 |     |     |     |     | 400 |
| Leu | Asp | Ser | Asp | Gly | Ser | Phe | Phe | Leu | Tyr | Ser | Arg | Leu | Thr | Val | Asp |
|     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |
| Lys | Ser | Arg | Trp | Gln | Glu | Gly | Asn | Val | Phe | Ser | Cys | Ser | Val | Met | His |
|     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |
| Glu | Ala | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser | Leu |
|     | 435 |     |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |

Gly

<210> 315

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.15 13A3 (P102Y) IgG4P HC

<400> 315

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

|         |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|---------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| Pro     | Ser | Val | Phe | Leu | Phe | Pro | Pro | Lys | Pro | Lys | Asp | Thr | Leu | Met | Ile |     |  |
|         |     |     |     | 245 |     |     |     |     |     | 250 |     |     |     |     |     | 255 |  |
| Ser     | Arg | Thr | Pro | Glu | Val | Thr | Cys | Val | Val | Val | Asp | Val | Ser | Gln | Glu |     |  |
|         |     |     |     | 260 |     |     |     |     |     | 265 |     |     |     |     |     | 270 |  |
| Asp     | Pro | Glu | Val | Gln | Phe | Asn | Trp | Tyr | Val | Asp | Gly | Val | Glu | Val | His |     |  |
|         |     |     |     | 275 |     |     |     |     |     | 280 |     |     |     |     |     | 285 |  |
| Asn     | Ala | Lys | Thr | Lys | Pro | Arg | Glu | Glu | Gln | Phe | Asn | Ser | Thr | Tyr | Arg |     |  |
| 290     |     |     |     |     |     |     |     | 295 |     |     |     |     |     | 300 |     |     |  |
|         |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Val     | Val | Ser | Val | Leu | Thr | Val | Leu | His | Gln | Asp | Trp | Leu | Asn | Gly | Lys |     |  |
| 305     |     |     |     |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     | 320 |  |
| Glu     | Tyr | Lys | Cys | Lys | Val | Ser | Asn | Lys | Gly | Leu | Pro | Ser | Ser | Ile | Glu |     |  |
|         |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |     | 335 |  |
| Lys     | Thr | Ile | Ser | Lys | Ala | Lys | Gly | Gln | Pro | Arg | Glu | Pro | Gln | Val | Tyr |     |  |
|         |     |     |     | 340 |     |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     |     | 350 |  |
| Thr     | Leu | Pro | Pro | Ser | Gln | Glu | Glu | Met | Thr | Lys | Asn | Gln | Val | Ser | Leu |     |  |
| 355     |     |     |     |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     |     | 365 |     |     |  |
|         |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Thr     | Cys | Leu | Val | Lys | Gly | Phe | Tyr | Pro | Ser | Asp | Ile | Ala | Val | Glu | Trp |     |  |
| 370     |     |     |     |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     |     | 380 |     |     |  |
| Glu     | Ser | Asn | Gly | Gln | Pro | Glu | Asn | Asn | Tyr | Lys | Thr | Thr | Pro | Pro | Val |     |  |
| 385     |     |     |     |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     |     | 395 |     | 400 |  |
| Leu     | Asp | Ser | Asp | Gly | Ser | Phe | Phe | Leu | Tyr | Ser | Arg | Leu | Thr | Val | Asp |     |  |
|         |     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     | 415 |  |
| Lys     | Ser | Arg | Trp | Gln | Glu | Gly | Asn | Val | Phe | Ser | Cys | Ser | Val | Met | His |     |  |
|         |     |     |     | 420 |     |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     |     | 430 |  |
|         |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Glu     | Ala | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser | Leu |     |  |
| 435     |     |     |     |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     |     | 445 |     |     |  |
|         |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Gly Lys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| 450     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <210>   | 316 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <211>   | 449 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |



<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.15 13A3 (P102Y) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 316

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

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

<210> 317

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.16 13A3 (P102L) IgG4P HC

<400> 317

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Leu

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

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

Gly Lys

450

<210> 318

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.16 13A3 (P102L) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 318

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Leu

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 180                                                             | 185 | 190 |
| Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |
| Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |
| Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly |     |     |
| 225                                                             | 230 | 235 |
| Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile |     |     |
| 245                                                             | 250 | 255 |
| Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu |     |     |
| 260                                                             | 265 | 270 |
| Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His |     |     |
| 275                                                             | 280 | 285 |
| Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg |     |     |
| 290                                                             | 295 | 300 |
| Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys |     |     |
| 305                                                             | 310 | 315 |
| Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu |     |     |
| 325                                                             | 330 | 335 |
| Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr |     |     |
| 340                                                             | 345 | 350 |
| Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu |     |     |
| 355                                                             | 360 | 365 |
| Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp |     |     |
| 370                                                             | 375 | 380 |
| Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val |     |     |
| 385                                                             | 390 | 395 |
| Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp |     |     |
| 405                                                             | 410 | 415 |
| Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His |     |     |
| 420                                                             | 425 | 430 |

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445

Gly

<210> 319

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.17 13A3 (N60Q, P102Y) IgG4P HC

<400> 319

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 Arg  
 20 25 30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
 100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

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



Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 320

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.17 13A3 (N60Q, P102Y) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 320

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 Arg  
20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Tyr  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

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

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                                  165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                                  180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
                                  195                      200                      205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
                                  210                      215                      220  
  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                                  245                      250                      255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
                                  260                      265                      270  
 Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
                                  275                      280                      285  
  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
                                  290                      295                      300  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305                      310                      315                      320  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
                                  325                      330                      335  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
                                  340                      345                      350  
  
 Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
                                  355                      360                      365  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
                                  370                      375                      380  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385                      390                      395                      400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly

<210> 321

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG1za HC

<400> 321

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130                      135                      140  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
 145                      150                      155                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
 165                      170                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
 180                      185                      190  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
 195                      200                      205  
  
 Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
 210                      215                      220  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val  
 225                      230                      235                      240  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
 245                      250                      255  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
 260                      265                      270  
  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
 275                      280                      285  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
 290                      295                      300  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
 305                      310                      315                      320  
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile  
 325                      330                      335  
  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
 340                      345                      350  
 Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
 355                      360                      365  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
 370                      375                      380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
405 410 415

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 322

<211> 446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgGlza HC (without C-terminal K)

<400

> 322

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130                      135                      140  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
 145                      150                      155                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
                          165                      170                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
                          180                      185                      190  
  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
                          195                      200                      205  
 Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
                          210                      215                      220  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val  
 225                      230                      235                      240  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
                          245                      250                      255  
  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
                          260                      265                      270  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
                          275                      280                      285  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
                          290                      295                      300  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
 305                      310                      315                      320  
  
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile  
                          325                      330                      335  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
                          340                      345                      350  
 Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
                          355                      360                      365  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
                          370                      375                      380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 385 390 395 400  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
 405 410 415  
 Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
 420 425 430  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 435 440 445

<210> 323

<211> 444

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8B9 IgG4P HC

<400> 323

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
 20 25 30  
 Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
 100 105 110  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu

115 120 125

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

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



385                      390                      395                      400  
 Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu  
                          405                      410                      415  
 Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His  
                          420                      425                      430  
 Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys  
  
                          435                      440  
 <210> 324  
 <211> 443  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 8B9 IgG4P HC (without C-terminal K)  
 <400> 324  
 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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
                          20                      25                      30  
 Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
  
                          35                      40                      45  
 Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Ser Ser Leu Lys  
                          50                      55                      60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65                      70                      75                      80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
                          85                      90                      95  
 Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
  
                          100                      105                      110  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
                          115                      120                      125  
 Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
                          130                      135                      140  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145                      150                      155                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
  
                          165                      170                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
                          180                      185                      190  
 Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn  
                          195                      200                      205  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro  
                          210                      215                      220  
 Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe  
  
 225                      230                      235                      240  
 Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val  
                          245                      250                      255  
 Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe  
                          260                      265                      270  
 Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro  
                          275                      280                      285  
 Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr  
  
 290                      295                      300  
 Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val  
 305                      310                      315                      320  
 Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala  
                          325                      330                      335  
 Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln  
                          340                      345                      350  
 Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly  
  
 355                      360                      365  
 Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro  
                          370                      375                      380  
 Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser  
 385                      390                      395                      400

Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu  
 405 410 415  
 Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His  
 420 425 430  
 Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
 435 440  
 <210> 325  
 <211> 444  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> TIM3.8 8B9 (S61P) IgG4P HC  
 <400> 325  
 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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His  
 20 25 30  
 Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45  
 Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
 100 105 110  
 Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
 115 120 125  
 Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
 130 135 140  
 Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145                      150                      155                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
                                  165                      170                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
                                  180                      185                      190  
 Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn  
                                  195                      200                      205  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro  
                                  210                      215                      220  
  
 Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe  
 225                      230                      235                      240  
 Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val  
                                  245                      250                      255  
 Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe  
                                  260                      265                      270  
 Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro  
                                  275                      280                      285  
  
 Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr  
                                  290                      295                      300  
 Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val  
 305                      310                      315                      320  
 Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala  
                                  325                      330                      335  
 Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln  
                                  340                      345                      350  
  
 Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly  
                                  355                      360                      365  
 Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro  
                                  370                      375                      380  
 Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser  
 385                      390                      395                      400

Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu

405 410 415

Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His

420 425 430

Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435 440

<210> 326

<211> 443

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.8 8B9 (S61P) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 326

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg His

20 25 30

Tyr Trp Asn Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Arg Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145                      150                      155                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
                                  165                      170                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
                                  180                      185                      190  
 Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn  
                                  195                      200                      205  
 Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro  
  
                                  210                      215                      220  
 Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe  
 225                      230                      235                      240  
 Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val  
                                  245                      250                      255  
 Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe  
                                  260                      265                      270  
 Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro  
  
                                  275                      280                      285  
 Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr  
 290                      295                      300  
 Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val  
 305                      310                      315                      320  
 Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala  
                                  325                      330                      335  
 Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln  
  
                                  340                      345                      350  
 Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly  
                                  355                      360                      365  
 Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro  
                                  370                      375                      380  
 Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser  
 385                      390                      395                      400

Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu

405 410 415

Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His

420 425 430

Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly

435 440

<210> 327

<211> 447

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 8C4 IgG1za HC

<400> 327

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr

20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys

50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu

65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala

85 90 95

Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

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

115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys

130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser

145                      150                      155                      160  
 Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
                                  165                      170                      175  
 Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
                                  180                      185                      190  
 Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
                                  195                      200                      205  
  
 Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
                                  210                      215                      220  
 Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val  
 225                      230                      235                      240  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
                                  245                      250                      255  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
                                  260                      265                      270  
  
 Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
                                  275                      280                      285  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
                                  290                      295                      300  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
 305                      310                      315                      320  
 Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile  
                                  325                      330                      335  
  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
                                  340                      345                      350  
 Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
                                  355                      360                      365  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
                                  370                      375                      380  
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 385                      390                      395                      400



Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
405 410 415

Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
420 425 430

His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440 445

<210> 328  
<211> 446  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 8C4 IgG1za HC (without C-terminal K)  
<400>  
> 328

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr  
20 25 30

Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
50 55 60

Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
85 90 95

Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu  
115 120 125

Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys  
130 135 140

Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser  
145 150 155 160

Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser  
165 170 175

Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser  
180 185 190

Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn  
195 200 205

Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His  
210 215 220

Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val  
225 230 235 240

Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr  
245 250 255

Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu  
260 265 270

Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
275 280 285

Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
290 295 300

Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
305 310 315 320

Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile  
325 330 335

Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
340 345 350

Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
355 360 365

Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
370 375 380

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg

405 410 415  
 Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
 420 425 430  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
 435 440 445

<210> 329

<211> 367

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.6 8C4 IgG4P HC

<400> 329

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 Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Arg Tyr  
 20 25 30  
 Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile  
 35 40 45

Gly Tyr Ile His Tyr Thr Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys  
 50 55 60  
 Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu  
 65 70 75 80  
 Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala  
 85 90 95  
 Thr Asp Thr Gly Tyr Tyr Gly Met Asp Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr  
 100 105 110

Val Thr Val Ser Ser Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys  
 115 120 125  
 Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro  
 130 135 140  
 Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val  
 145 150 155 160  
 Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr

165 170 175  
 Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu  
 180 185 190  
 Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys  
 195 200 205  
 Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser  
 210 215 220  
 Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys  
 225 230 235 240

Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile  
 245 250 255  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
 260 265 270  
 Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
 275 280 285  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
 290 295 300

Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 305 310 315 320  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
 325 330 335  
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
 340 345 350  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys  
 355 360 365

<210> 330

<211> 366

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.6 8C4 IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 330

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

245 250 255  
 Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro  
 260 265 270  
 Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu  
 275 280 285  
 Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn  
 290 295 300  
  
 Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser  
 305 310 315 320  
 Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg  
 325 330 335  
 Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu  
 340 345 350  
 His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
 355 360 365  
  
 <210> 331  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 17C3 IgG1za HC  
 <400> 331  
 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  
 Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
 35 40 45  
 Gly Ile Ile Asn Pro Arg Gly Asp Ser Ile Ile Tyr Ala Gln Lys Phe  
  
 50 55 60  
 Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
 65 70 75 80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

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

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln  
355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445  
Leu Ser Pro Gly Lys  
450  
<210> 332  
<211> 452  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 17C3 IgGlza HC (without C-terminal K)  
<400> 332  
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  
Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met  
35 40 45  
Gly Ile Ile Asn Pro Arg Gly Asp Ser Ile Ile Tyr Ala Gln Lys Phe  
50 55 60  
Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr  
65 70 75 80



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

325 330 335  
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln

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

420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445  
Leu Ser Pro Gly

450

<210> 333

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.2 17C3 IgG4P HC

<400> 333

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

65                                      70                                      75                                      80  
 Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
  
                                          85                                      90                                      95  
 Ala Arg Asp Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
                                          100                                      105                                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                                          115                                      120                                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
                                          130                                      135                                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
  
  
 145                                      150                                      155                                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                                          165                                      170                                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                                          180                                      185                                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
                                          195                                      200                                      205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
  
  
                                          210                                      215                                      220  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225                                      230                                      235                                      240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                                          245                                      250                                      255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
                                          260                                      265                                      270  
 Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
  
  
                                          275                                      280                                      285  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
                                          290                                      295                                      300  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305                                      310                                      315                                      320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Gly Lys

450

<210> 334

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.2 17C3 IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 334

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

Tyr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Ile Ile Asn Pro Arg Gly Asp Ser Ile Ile Tyr Ala Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Met Thr Arg Asp Thr Ser Thr Ser Thr Val Tyr

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Phe Tyr Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305                      310                      315                      320  
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325                      330                      335  
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340                      345                      350  
Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355                      360                      365  
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370                      375                      380  
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385                      390                      395                      400  
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405                      410                      415  
Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420                      425                      430  
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435                      440                      445  
Gly

<210> 335

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG1za HC

<400> 335

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1                      5                      10                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu

225 230 235 240

Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325                      330                      335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
 340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn Gln  
 355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
  
 370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
 405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
 420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
  
 435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210> 336  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 9F6 IgGlza HC (without C-terminal K)  
 <400> 336  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu

225 230 235 240

Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285  
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

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

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

420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445  
Leu Ser Pro Gly

450  
<210> 337

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG4P HC

<400> 337

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270  
Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285  
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300  
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305 310 315 320  
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335  
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350  
Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365  
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380  
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400  
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415  
Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430  
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445  
Gly Lys

450

<210> 338

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 9F6 IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 338

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1                    5                    10                    15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
                  50                    55                    60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Phe

65                    70                    75                    80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Val Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                  85                    90                    95  
Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
                  100                    105                    110  
Trp Gly Gln Gly Thr Ala Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                  115                    120                    125  
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130                    135                    140  
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145                    150                    155                    160  
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                  165                    170                    175  
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                  180                    185                    190  
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195                    200                    205  
Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
                  210                    215                    220  
Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
225                    230                    235                    240  
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245 250 255  
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270  
Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285  
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300  
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305 310 315 320  
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335  
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350  
Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365  
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380  
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400  
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415  
Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430  
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445  
Gly

<210> 339

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.7 9F6 (A108T) IgG4P HC

<400> 339

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Gly Lys

450

<210> 340

<211> 449

<212> PRT



<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.7 9F6 (A108T) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 340

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Gly Gly Ser Thr Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Gly

<210> 341

<211> 454

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 IgG1za HC

<400> 341

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp

100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys

115 120 125

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

130 135 140

Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro

145 150 155 160

Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr

165 170 175

Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val

180 185 190

Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn

195 200 205

Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro

210 215 220

Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu

225 230 235 240

Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp

245 250 255

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp

260 265 270

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly

275 280 285

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn

290 295 300

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp

305 310 315 320

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro

325 330 335

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu

340 345 350

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys

405 410 415

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys

420 425 430

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu

435 440 445

Ser Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 342

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 3G4 IgG1za HC (without C-terminal K)

<400> 342

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp

100 105 110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys

115 120 125

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

130 135 140

Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro

145 150 155 160

Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr

165 170 175

Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val

180 185 190

Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn  
195 200 205

Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro  
210 215 220

Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu  
225 230 235 240

Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp  
245 250 255

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp  
260 265 270

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly  
275 280 285

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn  
290 295 300

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp  
305 310 315 320

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro  
325 330 335

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu  
340 345 350

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr Lys Asn  
355 360 365

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile  
370 375 380

Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr  
385 390 395 400

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys  
405 410 415

Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys  
420 425 430

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu

435                                      440                                      445

Ser Leu Ser Pro Gly

450

<210> 343

<211> 451

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.4 3G4 IgG4P HC

<400> 343

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1                                      5                                      10                                      15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Thr Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50                                      55                                      60

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

65                                      70                                      75                                      80

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

85                                      90                                      95

Ala Arg Glu Gly Tyr Ser Ser Ser Trp Ser Tyr Tyr Tyr Gly Met Asp

100                                      105                                      110

Val Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys

115                                      120                                      125

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

130                                      135                                      140

Ser Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro

145                                      150                                      155                                      160

Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr

165                                      170                                      175

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



|            |                                            |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
|------------|--------------------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|
|            |                                            |     | 420 |     |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     |     | 430 |  |  |
| His        | Glu                                        | Ala | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser |  |  |
|            |                                            | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |  |  |
| Leu        | Gly                                        | Lys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
|            | 450                                        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| <210>      | 344                                        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| <211>      | 450                                        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| <212>      | PRT                                        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| <213>      | Artificial Sequence                        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| <220><223> | TIM3.4 3G4 IgG4P HC (without C-terminal K) |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| <400>      | 344                                        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| Gln        | Val                                        | Gln | Leu | Val | Glu | Ser | Gly | Gly | Gly | Leu | Val | Lys | Pro | Gly | Gly |  |  |
| 1          |                                            |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |     |     |  |  |
| Ser        | Leu                                        | Arg | Leu | Ser | Cys | Ala | Ala | Ser | Gly | Phe | Thr | Phe | Ser | 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        | Phe                                        | Ile | Ser | Thr | Ser | Gly | Ser | Ile | Ile | Tyr | Tyr | Ala | Asp | Ser | Val |  |  |
|            | 50                                         |     |     |     |     | 55  |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |  |  |
| Lys        | Gly                                        | Arg | Phe | Thr | Ile | Ser | Arg | Asp | Asn | Ala | Lys | Asn | Ser | Leu | Tyr |  |  |
| 65         |                                            |     |     |     | 70  |     |     |     | 75  |     |     |     |     |     | 80  |  |  |
| Leu        | Gln                                        | Met | Asn | Ser | Leu | Arg | Ala | Glu | Asp | Thr | Ala | Val | Tyr | Tyr | Cys |  |  |
|            |                                            |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     | 95  |     |     |  |  |
|            |                                            |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |
| Ala        | Arg                                        | Glu | Gly | Tyr | Ser | Ser | Ser | Trp | Ser | Tyr | Tyr | Tyr | Gly | Met | Asp |  |  |
|            |                                            | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |  |  |
| Val        | Trp                                        | Gly | Gln | Gly | Thr | Thr | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys |  |  |
|            |                                            | 115 |     |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |  |  |
| Gly        | Pro                                        | Ser | Val | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Cys | Ser | Arg | Ser | Thr | Ser | Glu |  |  |
|            | 130                                        |     |     |     |     |     | 135 |     |     |     | 140 |     |     |     |     |  |  |
| Ser        | Thr                                        | Ala | Ala | Leu | Gly | Cys | Leu | Val | Lys | Asp | Tyr | Phe | Pro | Glu | Pro |  |  |
| 145        |                                            |     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |  |  |

Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr  
165 170 175

Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val  
180 185 190

Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn  
195 200 205

Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser  
210 215 220

Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly  
225 230 235 240

Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met  
245 250 255

Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln  
260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val  
275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr  
290 295 300

Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly  
305 310 315 320

Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile  
325 330 335

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val  
340 345 350

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser  
355 360 365

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu  
370 375 380

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro  
385 390 395 400

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val

|            |     |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
|------------|-----|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|
| 405        |     |                     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |     |     |     |     |     |  |
| Asp        | Lys | Ser                 | Arg | Trp | Gln | Glu | Gly | Asn | Val | Phe | Ser | Cys | Ser | Val | Met |  |
| 420        |     |                     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |     |     |     |  |
| His        | Glu | Ala                 | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser |  |
| 435        |     |                     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |     |     |  |
| Leu Gly    |     |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| 450        |     |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <210>      |     | 345                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <211>      |     | 450                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <212>      |     | PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <213>      |     | Artificial Sequence |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <220><223> |     | 17C8 IgG4 HC        |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| <400>      |     | 345                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Gln        | Val | Gln                 | Leu | Val | Glu | Ser | Gly | Gly | Gly | Leu | Val | Lys | Pro | Gly | Gly |  |
| 1          |     |                     |     | 5   |     |     |     | 10  |     |     |     | 15  |     |     |     |  |
| Ser        | Leu | Arg                 | Leu | Ser | Cys | Ala | Ala | Ser | Gly | Phe | Thr | Phe | Ser | 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        | Phe | Ile                 | Ser | Ser | Ser | Gly | Ser | Ile | Ile | Tyr | Tyr | Ala | Asp | Ser | Val |  |
| 50         |     |                     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |  |
| Lys        | Gly | Arg                 | Phe | Thr | Ile | Ser | Arg | Asp | Asn | Ala | Lys | Asn | Ser | Leu | Tyr |  |
| 65         |     |                     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |  |
|            |     |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |
| Leu        | Gln | Met                 | Asn | Ser | Leu | Arg | Ala | Glu | Asp | Thr | Ala | Val | Tyr | Tyr | Cys |  |
| 85         |     |                     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |     |     |     |     |     |  |
| Ala        | Arg | Asp                 | Gly | Tyr | Ser | Ser | Gly | Trp | Glu | Tyr | Tyr | Gly | Met | Asp | Val |  |
| 100        |     |                     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |     |     |  |
| Trp        | Gly | Gln                 | Gly | Thr | Thr | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys | Gly |  |
| 115        |     |                     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |     |     |  |
| Pro        | Ser | Val                 | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Cys | Ser | Arg | Ser | Thr | Ser | Glu | Ser |  |
| 130        |     |                     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |  |

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

|            |                                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|------------|-------------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|--|-----|--|-----|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|-----|
| 385        |                                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  | 395 |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  | 400 |
| Leu        | Asp                                 | Ser | Asp | Gly | Ser | Phe | Phe | Leu | Tyr | Ser | Arg | Leu | Thr | Val | Asp |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 405 |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |     |  |  |  |  | 415 |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| Lys        | Ser                                 | Arg | Trp | Gln | Glu | Gly | Asn | Val | Phe | Ser | Cys | Ser | Val | Met | His |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     |     |  |  |  |  | 430 |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| Glu        | Ala                                 | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser | Leu |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     |     |  |  |  |  | 445 |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| Gly        | Lys                                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 450 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| <210>      | 346                                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| <211>      | 449                                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| <212>      | PRT                                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| <213>      | Artificial Sequence                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| <220><223> | 17C8 IgG4 HC (without C-terminal K) |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| <400>      | 346                                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| Gln        | Val                                 | Gln | Leu | Val | Glu | Ser | Gly | Gly | Gly | Leu | Val | Lys | Pro | Gly | Gly |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| 1          |                                     |     |     |     | 5   |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     | 15  |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| Ser        | Leu                                 | Arg | Leu | Ser | Cys | Ala | Ala | Ser | Gly | Phe | Thr | Phe | Ser | 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        | Phe                                 | Ile | Ser | Ser | Ser | Gly | Ser | Ile | Ile | Tyr | Tyr | Ala | Asp | Ser | Val |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 50  |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     |     |  |  |  |  | 60  |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| Lys        | Gly                                 | Arg | Phe | Thr | Ile | Ser | Arg | Asp | Asn | Ala | Lys | Asn | Ser | Leu | Tyr |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 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 | Gly | Tyr | Ser | Ser | Gly | Trp | Glu | Tyr | Tyr | Gly | Met | Asp | Val |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     |     |  |  |  |  | 110 |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
| Trp        | Gly                                 | Gln | Gly | Thr | Thr | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys | Gly |  |  |  |  |     |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |
|            |                                     |     |     |     | 115 |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     |     |  |  |  |  | 125 |  |     |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |     |

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

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Gly

<210> 347

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.9 17C8 IgG4P HC

<400> 347

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
 195 200 205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
 210 215 220  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225 230 235 240  
  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
 245 250 255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
 260 265 270  
 Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275 280 285  
 Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
 290 295 300  
  
 Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
 305 310 315 320  
 Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
 325 330 335  
 Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
 340 345 350  
 Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu



355 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370 375 380  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385 390 395 400  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
 405 410 415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420 425 430  
  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
 435 440 445  
 Gly Lys  
 450  
 <210> 348  
 <211> 449  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> TIM3.9 17C8 IgG4P HC (without C-terminal K)  
 <400> 348  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1 5 10 15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Ser Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50 55 60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65 70 75 80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
 85 90 95

Ala Arg Asp Gly Tyr Ser Ser Gly Trp Glu Tyr Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

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

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu  
325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340                                      345                                      350  
 Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
 355                                      360                                      365  
 Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
 370                                      375                                      380  
 Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
 385                                      390                                      395                                      400  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
 405                                      410                                      415  
  
 Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
 420                                      425                                      430  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
 435                                      440                                      445  
 Gly  
  
 <210> 349  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q, D101E) IgG1.1f HC  
 <400> 349  
 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 Arg  
 20                                      25                                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
 35                                      40                                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro  
 100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
 275 280 285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser

[illegible]

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

305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
                          325                      330                      335  
 Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
                          340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
                          355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
                          405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
                          420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly

450

<210> 351

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) IgG1.3f HC

<400> 351

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 Arg  
                          20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro  
  
                     100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                     115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
                     130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
  
                     165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                     180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
                     195                      200                      205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
                     210                      215                      220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
  
 225                      230                      235                      240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
                     245                      250                      255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
                     260                      265                      270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
                     275                      280                      285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
  
                     290                      295                      300



Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320  
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
325 330 335  
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380  
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445  
Leu Ser Pro Gly Lys  
450  
<210> 352  
<211> 452  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) IgG1.3f HC (no C-terminal K)  
<400> 352  
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 Arg  
20 25 30  
Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu  
35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290                      295                      300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
                          325                      330                      335  
  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
                          340                      345                      350  
 Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
                          355                      360                      365  
 Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
                          370                      375                      380  
 Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
 385                      390                      395                      400  
  
 Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
                          405                      410                      415  
 Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
                          420                      425                      430  
 Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
                          435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly  
                          450  
 <210> 353  
 <211> 450  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223  
 > TIM3.18 13A3 (N60Q, D101E) IgG4P HC  
 <400> 353  
 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 Arg  
                          20                      25                      30  
 Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro  
 100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
  
 115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
 130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
  
 180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
 195                      200                      205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
 210                      215                      220  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225                      230                      235                      240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
  
 245                      250                      255  
 Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
 260                      265                      270  
 Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
 275                      280                      285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Gly Lys

450

<210> 354

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.18 13A3 (N60Q, D101E) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 354

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val

195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys

210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly

225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285  
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

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

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

420 425 430  
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445  
Gly

<210> 355

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) IgG1.1f HC

<400> 355

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccactgggtc gaacctggg gccagggaa cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc caaaaacca aggacacct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg ctctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200

cctccgtgc tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320

cactacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 356

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) IgG1.1f HC (no C-terminal K)

<400> 356

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctgggtg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120

cagcccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240



tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gaaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
  
 gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
 acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccgggtg 480  
 acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
 cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
 acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
 gttgagccca aatcttgta caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
 gaaggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
  
 cggaccctg aggtcacatg cgtgggtgtg gacgtgagcc acgaagacc ttaggtcaag 840  
 ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900  
 cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
 aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
 accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatec 1080  
 cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
 agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
  
 cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
 agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320  
 cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359  
  
 <210> 357  
 <211> 1362  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q, D101E) IgG1.3f HC  
 <400> 357  
  
 cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtcctc 60  
 acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
 cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180  
  
 taccaacctg cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
 tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
 gggccctacg gtgactacgc ccactgggtc gaaccctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacattccc ggtgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaagggggcc cgtcagtctt cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg ctctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200  
cctccctgctc tggactcca cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 358

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) IgG1.3f HC (no C-terminal K)

<400> 358

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtg gttcacctac 180  
taccaacct cctcaagag tgcagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
tcctgaagc tgagctctgt gaccgccga gacacggctg tgtattattg tgcgacagg 300  
gggcctacg gtgactacg cacttggttc gaacctggg gccagggaac cctggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggacccttg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tcttgacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gcccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgctg tggaactcca cggtctcttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 359

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) VH

<400> 359

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcgagac cctgtccctc 60  
acctgcactg tccttggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggatccgc 120  
cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaaccgt cctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtcaa gaaccagttc 240  
tccctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300  
gggcctacg gtgactacgc ccaactggttc gaaccctggg gccaggaac cctggtcacc 360  
gtctctca 369

<210> 360

<211> 294

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide (TIM3.2-TIM3.18)

<400> 360

Met Phe Ser His Leu Pro Phe Asp Cys Val Leu Leu Leu Leu Leu Leu  
1 5 10 15

Leu Leu Thr Arg Ser Ser Glu Val Glu Tyr Ile Ala Glu Val Gly Gln  
20 25 30

Asn Ala Tyr Leu Pro Cys Ser Tyr Thr Pro Ala Pro Pro Gly Asn Leu  
35 40 45

Val Pro Val Cys Trp Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Asp Cys Ser  
50 55 60

Asn Val Val Leu Arg Thr Glu Asn Arg Asp Val Asn Asp Arg Thr Ser  
65 70 75 80

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

Thr Ile Glu Asn Val Thr Leu Ala Asp Ser Gly Val Tyr Cys Cys Arg  
100 105 110

Ile Gln Ile Pro Gly Ile Met Asn Asp Glu Lys His Asn Leu Lys Leu  
115 120 125

Val Val Ile Lys Pro Ala Lys Val Thr Pro Ala Pro Thr Leu Gln Arg  
130 135 140

Asp Leu Thr Ser Ala Phe Pro Arg Met Leu Thr Thr Gly Glu His Gly  
145 150 155 160

Pro Ala Glu Thr Gln Thr Pro Gly Ser Leu Pro Asp Val Asn Leu Thr  
165 170 175

Gln Ile Phe Thr Leu Thr Asn Glu Leu Arg Asp Ser Gly Ala Thr Ile  
180 185 190

Arg Thr Ala Ile Tyr Ile Ala Ala Gly Ile Ser Ala Gly Leu Ala Leu  
195 200 205

Ala Leu Ile Phe Gly Ala Leu Ile Phe Lys Trp Tyr Ser His Ser Lys  
210 215 220

Glu Lys Thr Gln Asn Leu Ser Leu Ile Ser Leu Ala Asn Ile Pro Pro

225                      230                      235                      240  
 Ser Gly Leu Ala Asn Ala Val Ala Glu Gly Ile Arg Ser Glu Glu Asn  
                          245                      250                      255  
 Ile Tyr Thr Ile Glu Glu Asp Val Tyr Glu Val Glu Glu Pro Asn Glu  
                          260                      265                      270

Tyr Tyr Cys Tyr Val Ser Ser Gly Gln Gln Pro Ser Gln Pro Leu Gly  
                          275                      280                      285  
 Cys Arg Phe Ala Met Pro

290

<210> 361

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide (TIM3.2-TIM3.18)

<400> 361

Met Arg Ala Trp Ile Phe Phe Leu Leu Cys Leu Ala Gly Arg Ala Leu

1                      5                      10                      15

Ala

<210> 362

<211> 51

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 362

atgagggcctt ggatcttctt tctgctctgc ctggccggga gagcgctcgc a 51

<210> 363

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Signal Peptide (TIM3.2-TIM3.18 LC)

<400> 363

atgagggcctt ggatcttctt tctgctctgc ctggccgggc ggccttggc c 51

<210> 364

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) VH

<400> 364

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35 40 45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 365

<211> 234

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 HC Fab

<400> 365

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 Arg

20 25 30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35                      40                      45  
 Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Asp Pro  
 100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
  
 130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165                      170                      175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180                      185                      190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
  
 195                      200                      205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
 210                      215                      220  
 Ser Cys Gly Gly His His His His His His  
 225                      230  
 <210> 366  
 <211> 234  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> TIM3.18 13A3 (N60Q, D101E) HC Fab  
 <400> 366  
 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 Arg

20                      25                      30

Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu

35                      40                      45

Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln 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 Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu Pro

100                      105                      110

Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115                      120                      125

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

130                      135                      140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145                      150                      155                      160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165                      170                      175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180                      185                      190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195                      200                      205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210                      215                      220

Ser Cys Gly Gly His His His His His His

225                      230

<210> 367

<211> 14



<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 367

Val Pro Val Cys Trp Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu

1 5 10

<210> 368

<211> 17

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 368

Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys

1 5 10 15

Leu

<210> 369

<211> 23

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 369

Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu Val Pro Val Cys Trp Gly Lys

1 5 10 15

Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu

20

<210> 370

<211> 12

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 370

Val Val Leu Arg Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr

1 5 10

<210> 371

<211> 18

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 371

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

1 5 10 15

Ser Leu

<210> 372

<211> 18

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 372

Cys Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu

1 5 10 15

Lys Leu

<210> 373

<211> 9

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 373

Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu

1 5

<210> 374

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) IgG1.3f (T168C) (no C-terminal K)

<400> 374

cagctgcagc tgcaggagtc gggcccagga ctggtgaagc cttcggagac cctgtccctc 60

acctgcactg tctctggtgg ctccatcagc agtagaagtt actactgggg ctggattcgc 120

cagccccag ggaaggggct ggagtggatt gggagtatct attatagtgg gttcacctac 180

taccaaccgt ccctcaagag tcgagtcacc atatccgttg acacgtccaa gaaccagttc 240

tcctgaagc tgagctctgt gaccgccgca gacacggctg tgtattattg tgcgacaggg 300

gggcctacg gtgactacgc ccacttggtc gaacctggg gccagggaac cctggtcacc 360  
gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttltga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggcc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtgtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtgttcagc gtctctaccg tcttcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgtgc tggactccga cggtccttc ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcattgagc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctcctgtcc ccgggttga 1359

<210> 375

<211> 410

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> hTIM3-mFc

<400> 375

Ser Glu Val Glu Tyr Arg Ala Glu Val Gly Gln Asn Ala Tyr Leu Pro

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

Gly Asp Phe Arg Lys Gly Asp Val Ser Leu Thr Ile Glu Asn Val Thr

65 70 75 80

Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile Gln Ile Pro Gly Ile

85 90 95

Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val Ile Lys Pro Ala Lys

100 105 110

Val Thr Pro Ala Pro Thr Arg Gln Arg Asp Phe Thr Ala Ala Phe Pro

115 120 125

Arg Met Leu Thr Thr Arg Gly His Gly Pro Ala Glu Thr Gln Thr Leu

130 135 140

Gly Ser Leu Pro Asp Ile Asn Leu Thr Gln Ile Ser Thr Leu Ala Asn

145 150 155 160

Glu Leu Arg Asp Ser Arg Leu Ala Asn Asp Leu Arg Asp Ser Gly Ala

165 170 175

Thr Ile Arg Ile Gly Ala Ser Val Pro Arg Asp Cys Gly Cys Lys Pro

180 185 190

Cys Ile Cys Thr Val Pro Glu Val Ser Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro

195 200 205

Lys Pro Lys Asp Val Leu Thr Ile Thr Leu Thr Pro Lys Val Thr Cys

210 215 220

Val Val Val Ala Ile Ser Lys Asp Asp Pro Glu Val Gln Phe Ser Trp

225 230 235 240

Phe Val Asp Asp Val Glu Val His Thr Ala Gln Thr Gln Pro Arg Glu

245 250 255

Glu Gln Phe Asn Ser Thr Phe Arg Ser Val Ser Glu Leu Pro Ile Met

260 265 270

His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Phe Lys Cys Arg Val Asn Ser

275 280 285

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

290 295 300

Arg Pro Lys Ala Pro Gln Val Tyr Thr Ile Pro Pro Pro Lys Glu Gln

|            |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
|------------|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|-----|-----|
| 305        |                     |     |     |     |     | 310 |     |     |     |     |     | 315 |     |     |     |  |     | 320 |
| Met        | Ala                 | Lys | Asp | Lys | Val | Ser | Leu | Thr | Cys | Met | Ile | Thr | Asp | Phe | Phe |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 325 |     |     |     |     |     | 330 |     |     |     |     |  | 335 |     |
| Pro        | Glu                 | Asp | Ile | Thr | Val | Glu | Trp | Gln | Trp | Asn | Gly | Gln | Pro | Ala | Glu |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 340 |     |     |     |     |     | 345 |     |     |     |     |  | 350 |     |
| Asn        | Tyr                 | Lys | Asn | Thr | Gln | Pro | Ile | Met | Asp | Thr | Asp | Gly | Ser | Tyr | Phe |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 355 |     |     |     |     |     | 360 |     |     |     |     |  | 365 |     |
| Val        | Tyr                 | Ser | Lys | Leu | Asn | Val | Gln | Lys | Ser | Asn | Trp | Glu | Ala | Gly | Asn |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 370 |     |     |     |     |     | 375 |     |     |     |     |  | 380 |     |
| Thr        | Phe                 | Thr | Cys | Ser | Val | Leu | His | Glu | Gly | Leu | His | Asn | His | His | Thr |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 385 |     |     |     |     |     | 390 |     |     |     |     |  | 395 |     |
| Glu        | Lys                 | Ser | Leu | Ser | His | Ser | Pro | Gly | Lys |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     |  | 400 |     |
| <210>      | 376                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
| <211>      | 154                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
| <212>      | PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
| <213>      | Artificial Sequence |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
| <220><223> | cynoTIM3-MycHisAvi  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
| <400>      | 376                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
| Ser        | Glu                 | Val | Glu | Tyr | Arg | Ala | Glu | Val | Gly | Gln | Asn | Ala | Tyr | Leu | Pro |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 5   |     |     |     |     |     | 10  |     |     |     |     |  | 15  |     |
| Cys        | Phe                 | Tyr | Thr | Pro | Ala | Ala | Pro | Gly | Asn | Leu | Val | Pro | Val | Cys | Trp |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     |  | 30  |     |
|            |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |     |     |
| Gly        | Lys                 | Gly | Ala | Cys | Pro | Val | Phe | Glu | Cys | Gly | Asn | Val | Val | Leu | Arg |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 35  |     |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     |  | 45  |     |
| Thr        | Asp                 | Glu | Arg | Asp | Val | Asn | Tyr | Trp | Thr | Ser | Arg | Tyr | Trp | Leu | Asn |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 50  |     |     |     |     |     | 55  |     |     |     |     |  | 60  |     |
| Gly        | Asp                 | Phe | Arg | Lys | Gly | Asp | Val | Ser | Leu | Thr | Ile | Glu | Asn | Val | Thr |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 65  |     |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     |  | 75  |     |
|            |                     |     |     |     | 70  |     |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     |  | 80  |     |
| Leu        | Ala                 | Asp | Ser | Gly | Ile | Tyr | Cys | Cys | Arg | Ile | Gln | Ile | Pro | Gly | Ile |  |     |     |
|            |                     |     |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     |  | 95  |     |

Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val Ile Lys Pro Ala Lys  
100 105 110  
Ser Pro Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser  
115 120 125  
Glu Glu Asp Leu Gly His His His His His His Gly Leu Asn Asp Ile  
130 135 140  
Phe Glu Ala Gln Lys Ile Glu Trp His Glu  
145 150  
<210> 377  
<211> 129  
<212>  
> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> hTIM3\_IgV  
<400> 377  
His His His His His His Ser Ala Ala Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly  
1 5 10 15  
Pro Gly Ser Glu Val Glu Tyr Arg Ala Glu Val Gly Gln Asn Ala Tyr  
20 25 30  
Leu Pro Cys Phe Tyr Thr Pro Ala Ala Pro Gly Asn Leu Val Pro Val  
35 40 45  
Cys Trp Gly Lys Gly Ala Cys Pro Val Phe Glu Cys Gly Asn Val Val  
50 55 60  
Leu Arg Thr Asp Glu Arg Asp Val Asn Tyr Trp Thr Ser Arg Tyr Trp  
65 70 75 80  
Leu Asn Gly Asp Phe Arg Lys Gly Asp Val Ser Leu Thr Ile Glu Asn  
85 90 95  
Val Thr Leu Ala Asp Ser Gly Ile Tyr Cys Cys Arg Ile Gln Ile Pro  
100 105 110  
Gly Ile Met Asn Asp Glu Lys Phe Asn Leu Lys Leu Val Ile Lys Pro  
115 120 125  
Ala

<210> 378

<211> 470

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) IgG1.3f HC with signal peptide

<400> 378

Met Arg Ala Trp Ile Phe Phe Leu Leu Cys Leu Ala Gly Arg Ala Leu

1 5 10 15

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

20 25 30

Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser

35 40 45

Arg Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu

50 55 60

Glu Trp Ile Gly Ser Ile Tyr Tyr Ser Gly Phe Thr Tyr Tyr Gln Pro

65 70 75 80

Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln

85 90 95

Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr

100 105 110

Tyr Cys Ala Thr Gly Gly Pro Tyr Gly Asp Tyr Ala His Trp Phe Glu

115 120 125

Pro Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys

130 135 140

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

145 150 155 160

Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro

165 170 175

Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr

180 185 190

Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val

195 200 205

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



|                         |                                                                |     |
|-------------------------|----------------------------------------------------------------|-----|
| 450                     | 455                                                            | 460 |
| Ser Leu Ser Pro Gly Lys |                                                                |     |
| 465                     | 470                                                            |     |
| <210>                   | 379                                                            |     |
| <211>                   | 469                                                            |     |
| <212>                   | PRT                                                            |     |
| <213>                   | Artificial Sequence                                            |     |
| <220><223>              | 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) IgG1.3f HC (no C-terminal K) with |     |

signal peptide

<400> 379

Met Arg Ala Trp Ile Phe Phe Leu Leu Cys Leu Ala Gly Arg Ala Leu  
1 5 10 15

Ala Gln Leu Gln Leu Gln Glu Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser  
20 25 30

Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Gly Ser Ile Ser Ser  
35 40 45

Arg Ser Tyr Tyr Trp Gly Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu  
50 55 60

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Glu | Trp | Ile | Gly | Ser | Ile | Tyr | Tyr | Ser | Gly | Phe | Thr | Tyr | Tyr | Gln | Pro |
| 65  |     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |
| Ser | Leu | Lys | Ser | Arg | Val | Thr | Ile | Ser | Val | Asp | Thr | Ser | Lys | Asn | Gln |
|     |     |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     | 95  |
| Phe | Ser | Leu | Lys | Leu | Ser | Ser | Val | Thr | Ala | Ala | Asp | Thr | Ala | Val | Tyr |
|     |     |     |     | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |
| Tyr | Cys | Ala | Thr | Gly | Gly | Pro | Tyr | Gly | Asp | Tyr | Ala | His | Trp | Phe | Glu |
|     |     |     |     | 115 |     |     |     |     |     | 120 |     |     |     | 125 |     |

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| Pro | Trp | Gly | Gln | Gly | Thr | Leu | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys |
| 130 |     |     |     | 135 |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |     |     |
| Gly | Pro | Ser | Val | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Ser | Ser | Lys | Ser | Thr | Ser | Gly |
| 145 |     |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |     |     |     |
| Gly | Thr | Ala | Ala | Leu | Gly | Cys | Leu | Val | Lys | Asp | Tyr | Phe | Pro | Glu | Pro |
|     |     |     |     | 165 |     |     |     | 170 |     |     |     | 175 |     |     |     |

Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr  
180 185 190

Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val  
195 200 205

Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn  
210 215 220

Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro  
225 230 235 240

Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu  
245 250 255

Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp  
260 265 270

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp  
275 280 285

Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly  
290 295 300

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn  
305 310 315 320

Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp  
325 330 335

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro  
340 345 350

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu  
355 360 365

Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn  
370 375 380

Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile  
385 390 395 400

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

Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys

420 425 430  
 Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys  
 435 440 445

Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu  
 450 455 460

Ser Leu Ser Pro Gly  
 465

<210> 380  
 <211> 1413  
 <212> DNA  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) IgG1.3f HC with signal peptide  
 <400> 380

atgagggtt ggatcttctt tctgctctgc ctggccggga gagcgctcgc acagctgcag 60  
 ctgcaggagt cgggcccagg actggtgaag ccttcggaga cctgtccct cacctgcact 120  
 gtctctggtg gctccatcag cagtagaagt tactactggg gctggatccg ccagccccc 180

gggaaggggc tggagtggat tgggagtatc tattatagtg gggtcaccta ctaccaaccg 240  
 tccctcaaga gtcgagtcac catatccgtt gacacgtcca agaaccagtt ctccctgaag 300  
 ctgagctctg tgaccgccgc agacacggct gtgtattatt gtgcgacagg ggggccctac 360  
 ggtgactacg cccactggtt cgaaccctgg ggccaggga ccttggtcac cgtctcctca 420  
 gctagcacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcacct cctccaagag cacctctggg 480  
 ggcacagcgg ccttgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 540  
 tggaaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggtgtcct acagtctca 600

ggactctact cctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 660  
 tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagccc 720  
 aaatcttgtg acaaaactca cacatgccc cgtgcccag cacctgaagc cgaaggggcc 780  
 ccgtcagtct tctcttccc cccaaaacc aaggacaccc tcatgatctc ccggaccct 840  
 gaggtcacat gcgtggtggt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 900  
 tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 960  
 agcacgtacc gtgtggtcag gtcctcacc gtctgcacc aggactggtt gaatggcaag 1020

gagtacaagt gcaaggcttc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aacctctcc 1080

aaagccaaag ggcagcccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1140  
atgaccaaga accaggctcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1200  
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccggtg 1260  
ctggactccg acggctcctt cttctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1320  
cagcagggga acgtcttctc atgtcccggtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1380  
cagaagagcc tctccctgtc cccgggtaaa tga 1413

<210> 381

<211> 1410

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) IgG1.3f HC (no C-terminal K) with  
signal peptide

<400> 381

atgagggctt ggatcttctt tctgtctctgc ctggccggga gagcgctcgc acagctgcag 60  
ctgcaggagt cgggcccagg actggtgaag ccttcggaga ccctgtccct cacctgcact 120  
gtctctgggt gctccatcag cagtagaagt tactactggg gctggatccg ccagcccca 180  
gggaaggggc tggagtggat tgggagtatc tattatagtg gggtcaccta ctaccaaccg 240  
tccctcaaga gtcgagtcac catatccgtt gacacgtcca agaaccagtt ctccctgaag 300

ctgagctctg tgaccgccgc agacacggct gtgtattatt gtgcgacagg ggggccctac 360  
ggtgactacg cccactgggt cgaaccctgg ggccaggga ccctgggtcac cgtctcctca 420  
gctagacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcacct cctccaagag cacctctggg 480  
ggcacagcgg ccctgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 540  
tggaaactcag gcgccctgac cagcggcgtg cacaccttcc cggtgtcct acagtctca 600  
ggactctact cctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 660  
tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagccc 720

aaatcttgtg aaaaaactca cacatgcca ccgtgccag cacctgaagc cgaaggggcc 780  
ccgtcagtct tctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcattgatct ccggaccct 840  
gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 900  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 960  
agcacgtacc gtgtggtcag cgtctcacc gtctgcacc aggactggtt gaatggcaag 1020  
gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aacctctcc 1080

aaagccaaag ggcagccccc agaaccacag gtgtacaccc tgcccccac cccggaggag 1140

atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1200

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1260

ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1320

cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1380

cagaagagcc tctccctgtc cccgggttga 1410

<210> 382

<211> 1413

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) IgG1.3f HC (T168C) with signal

sequence

<400> 382

atgagggctt ggatcttctt tctgtctctgc ctggccggga gagcgctcgc acagctgcag 60

ctgcaggagt cgggcccagg actggtgaag ccttcggaga cctgtccct cacctgcact 120

gtctctggtg gctccatcag cagtagaagt tactactggg gctggattcg ccagcccca 180

gggaaggggc tggagtggat tgggagtatc tattatagtg gggtcaccta ctaccaaccg 240

tccctcaaga gtcgagtcac catatccgtt gacacgtcca agaaccagtt ctccctgaag 300

ctgagctctg tgaccgccgc agacacggct gtgtattatt gtgcgacagg ggggccctac 360

ggtgactacg cccactgggt cgaaccctgg ggccaggga ccttggtcac cgtctcctca 420

gctagcacca agggcccac ggtcttcccc ctggcacct cctccaagag cacctctggg 480

ggcacagcgg ccttggtctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 540

tggaaactcag gcgcccagc cagcggcgtg cacaccttcc cggctgtcct acagtctca 600

ggactctact cctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 660

tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagccc 720

aaatcttgtg acaaaactca cacatgcca ccgtgccag cacctgaagc cgaaggggcc 780

ccgtcagtct tctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcatgatctc ccggaccct 840

gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 900

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 960

agcacgtacc gtgtggtcag cgtctcacc gtctgcacc aggactggct gaatggcaag 1020

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagc ctcccagccc ccatcgagaa aacctctcc 1080

aaagccaaag ggcagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccatc ccgggaggag 1140

atgaccaaga accaggctcag cctgacctgc ctggtaaag gcttctatcc cagcgacatc 1200

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccgtg 1260

ctggactccg acggctcctt cttcctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcagggtg 1320

cagcagggga acgtcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1380

cagaagagcc tctccctgtc cccgggtaaa tga 1413

<210> 383

<211> 1410

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) IgG1.3f HC (T168C) (no C-terminal K)

with signal sequence

<400> 383

atgagggctt ggatcttctt tctgctctgc ctggccggga gagcgctcgc acagctgcag 60

ctgcaggagt cgggcccagg actggtgaag ccttcggaga cctgtccct cacctgcact 120

gtctctggtg gctccatcag cagtagaagt tactactggg gctggattcg ccagcccca 180

gggaaggggc tggagtggat tgggagtatc tattatagtg gggtcaccta ctaccaaccg 240

tccctcaaga gtcgagtcac catatccgtt gacacgtcca agaaccagtt ctccctgaag 300

ctgagctctg tgaccgccgc agacacggct gtgtattatt gtgcgacagg ggggccctac 360

ggtgactacg cccactggtt cgaaccctgg ggccaggga ccttggtcac cgtctcctca 420

gctagacca agggcccatc ggtcttcccc ctggcacct cctccaagag cacctctggg 480

ggcacagcgg ccttgggctg cctggtcaag gactacttcc ccgaaccggt gacggtgtcg 540

tggaactcag gcgcccagc cagcggcgtg cacaccttcc cggtgtcct acagtctca 600

ggactctact cctcagcag cgtggtgacc gtgccctcca gcagcttggg caccagacc 660

tacatctgca acgtgaatca caagcccagc aacaccaagg tggacaagag agttgagccc 720

aaatcttgtg acaaaactca cacatgcca ccgtgccag cacctgaagc cgaaggggcc 780

ccgtcagtct tctcttccc cccaaaacc aaggacacc tcatgatctc ccggaccct 840

gaggtcacat gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ctgaggtcaa gttcaactgg 900

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc cgcgggagga gcagtacaac 960

agcacgtacc gtgtggtcag cgtctcacc gtctgcacc aggactggt gaatggcaag 1020

gagtacaagt gcaaggcttc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aacctctcc 1080

aaagccaaag ggcagcccg agaaccacag gtgtacaccc tgcccccac cgggaggag 1140  
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctatcc cagcgacatc 1200  
gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaagaccac gcctcccggtg 1260  
ctggactccg acggctcctt cttctctat agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1320  
cagcagggga acgtcttctc atgtccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccactacacg 1380

cagaagagcc tctccctgtc cccgggttga 1410

<210> 384

<211> 232

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) LC with signal sequence

<400> 384

Met Arg Ala Trp Ile Phe Phe Leu Leu Cys Leu Ala Gly Arg Ala Leu

1 5 10 15

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

20 25 30

Gly Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser

35 40 45

Ser Tyr Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Arg Leu

50 55 60

Leu Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe

65 70 75 80

Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu

85 90 95

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

100 105 110

Pro Ile Thr Phe Gly Gln Gly Thr Arg Leu Glu Ile Lys Arg Thr Val

115 120 125

Ala Ala Pro Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys

130 135 140

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

145 150 155 160

Glu Ala Lys Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn

|                                                                 |     |     |
|-----------------------------------------------------------------|-----|-----|
| 165                                                             | 170 | 175 |
| Ser Gln Glu Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser |     |     |
| 180                                                             | 185 | 190 |
| Leu Ser Ser Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys |     |     |
| 195                                                             | 200 | 205 |
| Val Tyr Ala Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr |     |     |
| 210                                                             | 215 | 220 |
| Lys Ser Phe Asn Arg Gly Glu Cys                                 |     |     |
| 225                                                             | 230 |     |

<210> 385

<211> 699

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 13A3 (N60Q, D101E) (TIM3.18) LC with signal sequence

<400> 385

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| atgagggtctt ggatcttctt tctgtctctgc ctggccgggc ggccttggc cgaaattgtg | 60  |
| ttgacgcagt ctccaggcac cctgtctttg tctccagggg aaagagccac cctctcctgc  | 120 |
| agggccagtc agagtgttag cagcagctac ttagcctggg accagcagaa acctggccag  | 180 |
| gtccccaggc tctcatcta tgggtgcatcc agcagggccca ctggcatccc agacaggttc | 240 |
| agtggcagtg ggtctgggac agacttcact ctccatca gcagactgga gcctgaagat    | 300 |
| tttgcaagtgt attactgtca gcagtatggt agctcaccga tcaccttcgg ccaagggaca | 360 |
| cgactggaga ttaaacgtac ggtggctgca ccatctgtct tcactttccc gccatctgat  | 420 |
| gagcagttga aatctggaac tgcctctgtt gtgtgcctgc tgaataactt ctatccaga   | 480 |
| gaggccaaag tacagtggaa ggtggataac gcctccaat cgggtaactc ccaggagagt   | 540 |
| gtcacagagc aggacagcaa ggacagcacc tacagcctca gcagaccct gacgctgagc   | 600 |
| aaagcagact acgagaaaca caaagtctac gcctgcgaag tcacccatca gggcctgagc  | 660 |
| tcgccgtca caaagagctt caacagggga gactgttag                          | 699 |

<210> 386

<211> 440

<212> PRT



<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7 hIgG4 HC

<400> 386

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Phe Ser Asp Tyr Tyr Met Ser Trp

20 25 30

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

35 40 45

Asn Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ile Gly Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser

100 105 110

Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser

115 120 125

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

130 135 140

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

145 150 155 160

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

165 170 175

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys

180 185 190

Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

195 200 205

Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala

210 215 220

Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro

225                      230                      235                      240  
Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val

245                      250                      255  
Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val

260                      265                      270  
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

275                      280                      285  
Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

290                      295                      300  
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly

305                      310                      315                      320  
Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

325                      330                      335  
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr

340                      345                      350  
Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

355                      360                      365  
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr

370                      375                      380  
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

385                      390                      395                      400  
Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe

405                      410                      415  
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

420                      425                      430  
Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435                      440

<210> 387

<211> 439

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7 hIgG4 HC (without C-terminal K)

<400> 387

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Phe Ser Asp Tyr Tyr Met Ser Trp

20 25 30

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

35 40 45

Asn Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ile Gly Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser

100 105 110

Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser

115 120 125

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

130 135 140

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

145 150 155 160

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

165 170 175

Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys

180 185 190

Thr Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

195 200 205

Lys Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala

210 215 220

Pro Glu Phe Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro

225                      230                      235                      240  
  
 Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val  
                                  245                                   250                                   255  
 Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val  
                                  260                                   265                                   270  
 Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln  
                                  275                                   280                                   285  
 Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln  
                                  290                                   295                                   300  
  
 Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly  
 305                                   310                                   315                                   320  
 Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro  
                                  325                                   330                                   335  
 Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr  
                                  340                                   345                                   350  
 Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser  
                                  355                                   360                                   365  
  
 Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr  
                                  370                                   375                                   380  
 Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr  
 385                                   390                                   395                                   400  
 Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe  
                                  405                                   410                                   415  
 Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys  
                                  420                                   425                                   430  
  
 Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly  
                                  435  
 <210> 388  
 <211> 443  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.24 14H7 IgG1.1f HC

<400> 388

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Phe Ser Asp Tyr Tyr Met Ser Trp

20 25 30

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

35 40 45

Asn Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ile Gly Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser

100 105 110

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

115 120 125

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

130 135 140

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

145 150 155 160

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

165 170 175

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

180 185 190

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

195 200 205

Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

210 215 220

Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

225                      230                      235                      240

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr

245                      250                      255

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn

260 265 270

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

275                      280                      285

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val

290                      295                      300

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser

305                      310                      315                      320

Asn Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys

325                      330                      335

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

340                      345                      350

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe

355                      360                      365

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

370                      375                      380

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe

385                      390                      395                      400

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly

405                      410                      415

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr

420                      425                      430

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

435 440

<210> 389

<211> 442

<212> PRT

### <213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.24 14H7 IgG1.1 HC (without C-terminal K)

<400> 389

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Phe Ser Asp Tyr Tyr Met Ser Trp

20 25 30

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

35 40 45

Asn Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ile Gly Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser

100 105 110

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

115 120 125

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

130 135 140

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

145 150 155 160

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

165 170 175

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

180 185 190

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

195 200 205

Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

210 215 220

Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

225                      230                      235                      240  
 Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr  
                          245                      250                      255  
 Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn  
                          260                      265                      270  
 Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg  
                          275                      280                      285  
 Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val  
  
                          290                      295                      300  
 Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser  
 305                      310                      315                      320  
 Asn Lys Ala Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys  
                          325                      330                      335  
 Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu  
                          340                      345                      350  
 Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe  
  
                          355                      360                      365  
 Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu  
                          370                      375                      380  
 Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe  
 385                      390                      395                      400  
 Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly  
                          405                      410                      415  
 Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr  
  
                          420                      425                      430  
 Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly  
                          435                      440  
 <210> 390  
 <211> 443  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> TIM3.24 14H7 IgG1.3f HC



<400> 390

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Phe Ser Asp Tyr Tyr Met Ser Trp

20 25 30

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

35 40 45

Asn Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ile Gly Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser

100 105 110

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

115 120 125

Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp

130 135 140

Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr

145 150 155 160

Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr

165 170 175

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

180 185 190

Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp

195 200 205

Lys Arg Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro

210 215 220

Cys Pro Ala Pro Glu Ala Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro

225 230 235 240

Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr  
245 250 255

Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn  
260 265 270

Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg  
275 280 285

Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val  
290 295 300

Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser  
305 310 315 320

Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys  
325 330 335

Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu  
340 345 350

Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe  
355 360 365

Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu  
370 375 380

Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe  
385 390 395 400

Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly  
405 410 415

Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr  
420 425 430

Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys  
435 440

<210> 391

<211> 442

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.24 14H7 IgG1.3f HC (without C-terminal K)

<400> 391

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

245 250 255  
Cys Val Val Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn  
260 265 270  
Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg

275 280 285  
Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val  
290 295 300  
Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser  
305 310 315 320  
Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys  
325 330 335  
Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu

340 345 350  
Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe  
355 360 365  
Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu  
370 375 380  
Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe  
385 390 395 400  
Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly

405 410 415  
Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr  
420 425 430  
Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440  
<210> 392  
<211> 440  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> TIM3.24 14H7 IgG4P HC  
<400> 392

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

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

Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val

260

265

270

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

275

280

285

Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

290

295

300

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly

305

310

315

320

Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

325

330

335

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr

340

345

350

Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

355

360

365

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

370

375

380

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

385

390

395

400

Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe

405

410

415

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

420

425

430

Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly Lys

435

440

<210> 393

<211> 439

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.24 14H7 IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 393

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

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

Val Asp Val Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val

260 265 270

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

275 280 285

Phe Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

290 295 300

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly

305 310 315 320

Leu Pro Ser Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro

325 330 335

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr

340 345 350

Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

355 360 365

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

370 375 380

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr

385 390 395 400

Ser Arg Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe

405 410 415

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys

420 425 430

Ser Leu Ser Leu Ser Leu Gly

435

<210> 394

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 hIgG4 HC

<400> 394

Gln Val Gln Leu Val Gly 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
                   50                    55                    60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Asp  
  
 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 Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val  
                   100                    105                    110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                   115                    120                    125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Cys Ser Arg Ser Thr Ser Glu Ser  
  
 130                    135                    140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                    150                    155                    160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
                   165                    170                    175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
                   180                    185                    190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
  
 195                    200                    205  
 Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
                   210                    215                    220  
 Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Ser Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
 225                    230                    235                    240  
 Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
                   245                    250                    255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Gly Lys

450

<210> 395

<211> 449

<212>

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 hIgG4 HC (without C-terminal K)

<400> 395

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

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu

260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg

290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu

355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp

405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu

435 440 445

Gly

<210> 396

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 IgG1.1f HC

<400> 396

Gln Val Gln Leu Val Gly 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

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 Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser

325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys

450

<210> 397

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 IgG1.1 HC (without C-terminal K)

<400> 397

Gln Val Gln Leu Val Gly 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

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 Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125

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

130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser

325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435 440 445

Leu Ser Pro Gly



450

<210> 398

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 IgG1.3f HC

<400> 398

Gln Val Gln Leu Val Gly 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Asp

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 Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110  
Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly

115 120 125  
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly

130 135 140  
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val

145 150 155 160  
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe

165 170 175  
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val

180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val

195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys

210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala

225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

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

385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

435                      440                      445  
 Leu Ser Pro Gly Lys  
 450  
 <210  
 > 399  
 <211> 452  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> 23B3 IgG1.3f HC (without C-terminal K)  
 <400> 399  
 Gln Val Gln Leu Val Gly 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
 50                      55                      60  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Asp  
 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 Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val  
 100                      105                      110  
  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115                      120                      125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130                      135                      140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
 145                      150                      155                      160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165                      170                      175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

|            |     |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|------------|-----|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|
|            |     |                     |     | 420 |     |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     |     | 430 |  |  |  |
| Val        | Met | His                 | Glu | Ala | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser |     |  |  |  |
|            |     |                     | 435 |     |     |     |     | 440 |     |     |     |     | 445 |     |     |     |  |  |  |
| Leu        | Ser | Pro                 | Gly |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|            |     |                     | 450 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <210>      |     | 400                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <211>      |     | 450                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <212>      |     | PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <213>      |     | Artificial Sequence |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <220><223> |     | 23B3 IgG4P HC       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <400>      |     | 400                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Gln        | Val | Gln                 | Leu | Val | Gly | 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        | Phe | Ile                 | Ser | Gly | Ser | Gly | Ser | Ile | Ile | Tyr | Tyr | Ala | Asp | Ser | Val |     |  |  |  |
|            | 50  |                     |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Lys        | Gly | Arg                 | Phe | Thr | Ile | Ser | Arg | Asp | Asn | Ala | Lys | Asn | Ser | Leu | Asp |     |  |  |  |
| 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                 | Gly | Met | Val | Arg | Gly | Met | Asn | Phe | Tyr | Gly | Met | Asp | Val |     |  |  |  |
|            |     |                     | 100 |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     | 110 |     |     |     |  |  |  |
| Trp        | Gly | Gln                 | Gly | Thr | Thr | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys | Gly |     |  |  |  |
|            |     | 115                 |     |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     | 125 |     |     |     |  |  |  |
| Pro        | Ser | Val                 | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Cys | Ser | Arg | Ser | Thr | Ser | Glu | Ser |     |  |  |  |
|            |     | 130                 |     |     |     | 135 |     |     |     |     | 140 |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Thr        | Ala | Ala                 | Leu | Gly | Cys | Leu | Val | Lys | Asp | Tyr | Phe | Pro | Glu | Pro | Val |     |  |  |  |
| 145        |     |                     |     |     | 150 |     |     |     |     | 155 |     |     |     |     | 160 |     |  |  |  |

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

|            |                                      |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|------------|--------------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|--|--|--|
|            |                                      |     |     |     | 405 |     |     |     |     |     | 410 |     |     |     |     | 415 |  |  |  |
| Lys        | Ser                                  | Arg | Trp | Gln | Glu | Gly | Asn | Val | Phe | Ser | Cys | Ser | Val | Met | His |     |  |  |  |
|            |                                      |     |     | 420 |     |     |     |     | 425 |     |     |     |     | 430 |     |     |  |  |  |
| Glu        | Ala                                  | Leu | His | Asn | His | Tyr | Thr | Gln | Lys | Ser | Leu | Ser | Leu | Ser | Leu |     |  |  |  |
|            |                                      |     |     | 435 |     |     |     | 440 |     |     |     |     |     | 445 |     |     |  |  |  |
| Gly        | Lys                                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
|            |                                      |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <210>      | 401                                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <211>      | 449                                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <212>      | PRT                                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <213>      | Artificial Sequence                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <220><223> | 23B3 IgG4P HC (without C-terminal K) |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| <400>      | 401                                  |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |  |  |  |
| Gln        | Val                                  | Gln | Leu | Val | Gly | 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        | Phe                                  | Ile | Ser | Gly | Ser | Gly | Ser | Ile | Ile | Tyr | Tyr | Ala | Asp | Ser | Val |     |  |  |  |
|            |                                      |     |     | 50  |     |     |     | 55  |     |     |     |     | 60  |     |     |     |  |  |  |
| Lys        | Gly                                  | Arg | Phe | Thr | Ile | Ser | Arg | Asp | Asn | Ala | Lys | Asn | Ser | Leu | Asp |     |  |  |  |
| 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 | Gly | Met | Val | Arg | Gly | Met | Asn | Phe | Tyr | Gly | Met | Asp | Val |     |  |  |  |
|            |                                      |     |     | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     | 110 |     |     |  |  |  |
| Trp        | Gly                                  | Gln | Gly | Thr | Thr | Val | Thr | Val | Ser | Ser | Ala | Ser | Thr | Lys | Gly |     |  |  |  |
|            |                                      |     |     | 115 |     |     |     |     |     | 120 |     |     |     | 125 |     |     |  |  |  |
| Pro        | Ser                                  | Val | Phe | Pro | Leu | Ala | Pro | Cys | Ser | Arg | Ser | Thr | Ser | Glu | Ser |     |  |  |  |
|            |                                      |     |     | 130 |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |     |     |  |  |  |

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



385                      390                      395                      400  
  
 Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
                          405                      410                      415  
 Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
                          420                      425                      430  
 Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
                          435                      440                      445  
 Gly  
  
 <210> 402  
 <211> 453  
 <212> PRT  
 <213> Artificial Sequence  
 <220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.1f HC  
  
  
 <400> 402  
 Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
 1                      5                      10                      15  
 Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
                          50                      55                      60  
  
 Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
 65                      70                      75                      80  
 Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
                          85                      90                      95  
 Ala Arg Asp Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val  
                          100                      105                      110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
                          115                      120                      125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
325 330 335

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 403  
<211> 452  
<212> PRT  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.1 HC (without C-terminal K)  
<400> 403

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys  
85 90 95  
Ala Arg Asp Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125  
Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140  
Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160  
Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175  
Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190  
Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205  
Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220  
Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240  
Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255  
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270  
Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285  
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300  
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320  
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ser  
325 330 335  
Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln

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

420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly

450

<210> 404

<211> 453

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.3f HC

<400> 404

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95  
Ala Arg Asp Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val

100 105 110  
 Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
 115 120 125  
 Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
 130 135 140  
 Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
  
 145 150 155 160  
 Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
 165 170 175  
 Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
 180 185 190  
 Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
 195 200 205  
 Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
  
 210 215 220  
 Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
 245 250 255  
 Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
 260 265 270  
 Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
  
 275 280 285  
 Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
 290 295 300  
 Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
 305 310 315 320  
 Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
 325 330 335  
 Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro  
  
 340 345 350

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365

Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly Lys  
450

<210> 405

<211> 452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.3f HC (without C-terminal K)

<400> 405

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15

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

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

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

Ala Arg Asp Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly  
130 135 140

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val  
195 200 205

Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Pro Lys  
210 215 220

Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Ala  
225 230 235 240

Glu Gly Ala Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr  
245 250 255

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val  
260 265 270

Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val  
275 280 285

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser  
290 295 300

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu  
305 310 315 320

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala  
325 330 335

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro



340 345 350  
Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln  
355 360 365  
Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala  
370 375 380

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr  
385 390 395 400  
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu  
405 410 415  
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser  
420 425 430  
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser  
435 440 445

Leu Ser Pro Gly  
450

<210> 406

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG4P HC

<400> 406

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15  
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Tyr  
65 70 75 80  
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

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

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly Lys  
450

<210> 407

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG4P HC (without C-terminal K)

<400> 407

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15

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

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

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

Ala Arg Asp Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly  
115 120 125

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

Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val  
145 150 155 160

Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe  
165 170 175

Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val  
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Lys Thr Tyr Thr Cys Asn Val  
195 200 205

Asp His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Arg Val Glu Ser Lys  
210 215 220

Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe Leu Gly Gly  
225 230 235 240

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile  
245 250 255

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Ser Gln Glu  
260 265 270

Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His  
275 280 285

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser Thr Tyr Arg  
290 295 300

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys  
305 310 315 320

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser Ser Ile Glu

325 330 335  
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr  
340 345 350

Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu  
355 360 365

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp  
370 375 380

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val  
385 390 395 400

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu Thr Val Asp  
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His  
420 425 430

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Leu  
435 440 445

Gly

<210> 408

<211> 215

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7 (TIM3.24) LC

<400> 408

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
20 25 30

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

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

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

|            |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|------------|---------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 65         |                     |     |     |     | 70  |     |     |     |     | 75  |     |     |     |     | 80  |     |
| Pro        | Glu                 | Asp | Phe | Ala | Val | Tyr | Tyr | Cys | Gln | Gln | Tyr | Gly | Ser | Ser | Pro |     |
|            |                     |     |     | 85  |     |     |     |     |     | 90  |     |     |     |     |     | 95  |
| Leu        | Thr                 | Phe | Gly | Pro | Gly | Thr | Lys | Val | Asp | Ile | Lys | Arg | Thr | Val | Ala |     |
|            |                     |     |     | 100 |     |     |     |     |     | 105 |     |     |     |     |     | 110 |
| Ala        | Pro                 | Ser | Val | Phe | Ile | Phe | Pro | Pro | Ser | Asp | Glu | Gln | Leu | Lys | Ser |     |
|            |                     |     |     | 115 |     |     |     |     |     | 120 |     |     |     |     |     | 125 |
| Gly        | Thr                 | Ala | Ser | Val | Val | Cys | Leu | Leu | Asn | Asn | Phe | Tyr | Pro | Arg | Glu |     |
|            |                     |     |     | 130 |     |     |     |     |     | 135 |     |     |     |     |     | 140 |
|            |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| Ala        | Lys                 | Val | Gln | Trp | Lys | Val | Asp | Asn | Ala | Leu | Gln | Ser | Gly | Asn | Ser |     |
| 145        |                     |     |     | 150 |     |     |     | 155 |     |     |     | 160 |     |     |     |     |
| Gln        | Glu                 | Ser | Val | Thr | Glu | Gln | Asp | Ser | Lys | Asp | Ser | Thr | Tyr | Ser | Leu |     |
|            |                     |     |     | 165 |     |     |     |     |     | 170 |     |     |     |     |     | 175 |
| Ser        | Ser                 | Thr | Leu | Thr | Leu | Ser | Lys | Ala | Asp | Tyr | Glu | Lys | His | Lys | Val |     |
|            |                     |     |     | 180 |     |     |     |     |     | 185 |     |     |     |     |     | 190 |
| Tyr        | Ala                 | Cys | Glu | Val | Thr | His | Gln | Gly | Leu | Ser | Ser | Pro | Val | Thr | Lys |     |
|            |                     |     |     | 195 |     |     |     |     |     | 200 |     |     |     |     |     | 205 |
|            |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| Ser        | Phe                 | Asn | Arg | Gly | Glu | Cys |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| 210        |                     |     |     | 215 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <210>      | 409                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <211>      | 213                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <212>      | PRT                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <213>      | Artificial Sequence |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <220><223> | 23B3 LC (VK2)       |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| <400>      | 409                 |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
|            |                     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |
| Glu        | Ile                 | Val | Leu | Thr | Gln | Ser | Pro | Gly | Thr | Leu | Ser | Leu | Ser | Pro | Gly |     |
| 1          |                     |     |     | 5   |     |     |     | 10  |     |     |     | 15  |     |     |     |     |
| Glu        | Arg                 | Ala | Thr | Leu | Ser | Cys | Arg | Ala | Ser | Gln | Ser | Val | Ser | Ser | Ser |     |
|            |                     |     |     | 20  |     |     |     |     |     | 25  |     |     |     |     |     | 30  |
| Tyr        | Leu                 | Ala | Trp | Tyr | Gln | Gln | Lys | Pro | Gly | Gln | Ala | Pro | Arg | Leu | Leu |     |
|            |                     |     |     | 35  |     |     |     |     |     | 40  |     |     |     |     |     | 45  |

Ile Tyr Gly Ala Ser Ser Arg Ala Thr Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser  
50 55 60  
Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Arg Leu Glu  
65 70 75 80  
Pro Glu Asp Phe Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro  
85 90 95  
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys Arg Thr Val Ala Ala Pro  
100 105 110

Ser Val Phe Ile Phe Pro Pro Ser Asp Glu Gln Leu Lys Ser Gly Thr  
115 120 125  
Ala Ser Val Val Cys Leu Leu Asn Asn Phe Tyr Pro Arg Glu Ala Lys  
130 135 140  
Val Gln Trp Lys Val Asp Asn Ala Leu Gln Ser Gly Asn Ser Gln Glu  
145 150 155 160  
Ser Val Thr Glu Gln Asp Ser Lys Asp Ser Thr Tyr Ser Leu Ser Ser  
165 170 175

Thr Leu Thr Leu Ser Lys Ala Asp Tyr Glu Lys His Lys Val Tyr Ala  
180 185 190  
Cys Glu Val Thr His Gln Gly Leu Ser Ser Pro Val Thr Lys Ser Phe  
195 200 205  
Asn Arg Gly Glu Cys  
210

<210> 410

<211> 113

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7/TIM3.24 VH

<400> 410

Gln Val His Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly  
1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Thr Ala Phe Ser Asp Tyr Tyr Met Ser Trp  
20 25 30

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

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Arg  
85 90 95  
Ile Gly Phe Phe Asp Tyr Trp Gly Pro Gly Thr Leu Val Thr Val Ser  
100 105 110  
Ser

<210> 411

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3VH

<400> 411

Gln Val Gln Leu Val Gly 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val  
50 55 60  
Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asn Ala Lys Asn Ser Leu Asp  
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 Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val  
100 105 110



Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 412

<211> 123

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) VH

<400> 412

Gln Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Lys Pro Gly Gly

1

5

10

15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser 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 Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val

50

55

60

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

65

70

75

80

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

85

90

95

Ala Arg Asp Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val

100

105

110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115

120

<210> 413

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7/TIM3.24 CDR2 (VH)

<400> 413

Tyr Ile Ser Asn Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1

5

10

15

Gly

<210> 414

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7/TIM3.24 CDR3 (VH)

<400> 414

Gly Arg Ile Gly Phe Phe Asp Tyr

1 5

<210> 415

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3/TIM3.25 CDR2 (VH)

<400> 415

Phe Ile Ser Gly Ser Gly Ser Ile Ile Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 416

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3/TIM3.25 CDR3 (VH)

<400> 416

Asp Gly Met Val Arg Gly Met Asn Phe Tyr Gly Met Asp Val

1 5 10

<210> 417

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7 VL

<400> 417

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser  
20 25 30

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

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

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

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

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

<210> 418

<211> 106

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 VL (VK2)

<400> 418

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

Glu Arg Ala Thr Leu Ser Cys Arg Ala Ser Gln Ser Val Ser Ser Ser

20 25 30

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

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

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

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

|                                                                    |     |    |
|--------------------------------------------------------------------|-----|----|
| 85                                                                 | 90  | 95 |
| Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys                            |     |    |
| 100                                                                | 105 |    |
| <210> 419                                                          |     |    |
| <211> 7                                                            |     |    |
| <212> PRT                                                          |     |    |
| <213> Artificial Sequence                                          |     |    |
| <220><223> 23B3 CDR3 (VL) (VK2)                                    |     |    |
| <400> 419                                                          |     |    |
| Gln Gln Tyr Gly Ser Ser Pro                                        |     |    |
| 1                                                                  | 5   |    |
| <210> 420                                                          |     |    |
| <211> 339                                                          |     |    |
| <212> DNA                                                          |     |    |
| <213> Artificial Sequence                                          |     |    |
| <220><223> 14H7/TIM3.24 VH                                         |     |    |
| <400> 420                                                          |     |    |
| caggtgcacc tggtaggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60  |    |
| tcctgtacag ccttcagtga ctactacatg agctggatcc gccaggctcc aggggaagggg | 120 |    |
| ctggagtggg tatcatacat tagtaatagt ggtagtatca tatactacgc agactctgtg  | 180 |    |
| aagggccgat tcaccatctc cagggacaac gccaagaact cagtgtatct gcaaatgaac  | 240 |    |
| agcctgagag ccgaggacac ggctgtgtat tactgtgcga gagggcgaat tggttttttt  | 300 |    |
| gactactggg gcccggaac cctggtcacc gtctcctca                          | 339 |    |
| <210> 421                                                          |     |    |
| <211> 369                                                          |     |    |
| <212> DNA                                                          |     |    |
| <213> Artificial Sequence                                          |     |    |
| <220><223> 23B3 VH                                                 |     |    |
| <400> 421                                                          |     |    |
| caggtgcagc tggtagggatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60  |    |
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccagget  | 120 |    |
| ccaggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggtg gtggtagtat catatactac   | 180 |    |
| gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcaactggat | 240 |    |

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300  
atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctca 369

<210> 422

<211> 369

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) VH

<400> 422

cagggtgcagc tgggtggaatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300  
atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360

gtctcctca 369

<210> 423

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7/TIM3.24 CDR2 (VH)

<400> 423

tacattagta atagtggtag tatcatatac tacgcagact ctgtgaaggg c 51

<210> 424

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7/TIM3.24 CDR3 (VH)

<400> 424

gggcgaattg gtttttttga ctac 24

<210> 425

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3/TIM3.25 CDR2 (VH)

<400> 425

ttcattagtgt gtagtggttag tatcatatac tacgcagact ctgtgaaggg c 51

<210> 426

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3/TIM3.25 CDR3 (VH)

<400> 426

gacggtagtggtggtggaat gaacttctac ggtagtgacg tc 42

<210> 427

<211> 324

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7 VL

<400> 427

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtc gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcaggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtggtggtggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgtta ttagtgcag cagtatggta gctcacctct cactttcggc 300

cctgggacca aagtggatat caaa 324

<210> 428

<211> 318

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 VL (VK2)

<400> 428

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtc gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcaggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtgg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240  
cctgaagatt ttgcagtgtg ttactgtcag cagtatggta gctcaccttt cggcggaggg 300  
accaaggtgg agatcaaa 318  
<210> 429  
<211> 21  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 23B3 CDR3 (VL) (VK2)  
<400> 429  
cagcagtatg gtagctcacc t 21  
<210> 430  
<211> 1332  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> TIM3.24 14H7 hIgG4  
<400> 430  
caggtgcacc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtacag ccttcagtga ctactacatg agctggatcc gccaggctcc aggggaagggg 120  
ctggagtggg tatcatacat tagtaatagt ggtagtatca tatactacgc agactctgtg 180  
aagggccgat tcaccatctc cagggaacaac gccagaagact cagtgtatct gcaaataaac 240  
agcctgagag ccgaggacac ggctgtgtat tactgtgcga gagggcgaat tggttttttt 300  
gactactggg gcccgggaac cctggtcacc gtctcctcag ctaccaccaa gggcccatcg 360  
gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 420  
ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 480  
agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 540  
gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 600  
aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 660  
acatgccac cgtgccagc acctgaagcc gaaggggccc cgtcagtctt cctcttcccc 720  
ccaaaacca aggacacct catgatctcc cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg 780  
gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg 840  
cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 900  
gtcctcaccg tctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc 960

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga   | 1020 |
| gaaccacagg tgiacaccct gcccccatcc cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc  | 1080 |
| ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat | 1140 |
| gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgctgc tggactccga cggctccttc | 1200 |
|                                                                    |      |
| ttctctata gcaagctcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca   | 1260 |
| tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc  | 1320 |
| ccgggtaaat ga                                                      | 1332 |
|                                                                    |      |
| <210> 431                                                          |      |
| <211> 1329                                                         |      |
| <212> DNA                                                          |      |
| <213> Artificial Sequence                                          |      |
| <220><223> TIM3.24 14H7 IgG1.1 HC (without C-terminal K)           |      |
| <400> 431                                                          |      |
| caggtgcacc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60   |
| tcctgtacag ccttcagtga ctactacatg agctggatcc gccaggctcc agggaagggg  | 120  |
|                                                                    |      |
| ctggagtggc tatcatacat tagtaatagt ggtagtatca tatactacgc agactctgtg  | 180  |
| aagggccgat tcaccatctc cagggacaac gccaagaact cagtgtatct gcaaatgaac  | 240  |
| agcctgagag ccgaggacac ggctgtgtat tactgtgcga gagggcgaat tggttttttt  | 300  |
| gactactggg gcccgggaac cctggtcacc gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg   | 360  |
| gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc   | 420  |
| ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgcctgacc   | 480  |
| agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc   | 540  |
|                                                                    |      |
| gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac  | 600  |
| aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga gttgagccca aatcttgtga caaaactcac  | 660  |
| acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc gaaggggccc cgtcagttct cctcttcccc  | 720  |
| ccaaaacca aggacacct catgatctcc cggaccctg aggtcacatg cgtgggtggtg    | 780  |
| gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg   | 840  |
| cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc  | 900  |
| gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc    | 960  |
|                                                                    |      |
| aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga   | 1020 |
| gaaccacagg tgiacaccct gcccccatcc cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc  | 1080 |



ctgacctgcc tggicaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1140  
 gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccggtgc tggactccga cggctccttc 1200  
 ttctctata gcaagctcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca 1260  
 tgctccgtga tgcatgagge tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc 1320  
 ccgggttga 1329

<210> 432

<211> 1332

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.24 14H7 IgG1.3f HC

<400> 432

caggtgcacc tgggtgagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
 tcctgtacag ctttcagtga ctactacatg agctggatcc gccaggctcc aggggaagggg 120  
 ctggagtggg tatcatacat tagtaatagt ggtagtatca tatactacgc agactctgtg 180  
 aagggccgat tcaccatctc cagggacaac gccaagaact cagtgtatct gcaaatgaac 240  
 agcctgagag ccgaggacac ggctgtgtat tactgtgcga gagggcgaat tggttttttt 300  
 gactactggg gcccggaac cctggtcacc gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg 360

gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 420  
 ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 480  
 agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 540  
 gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac 600  
 aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga gttgagccca aatcttgtga caaaactcac 660  
 acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc gaagggggccc cgtcagtctt cctcttcccc 720  
 ccaaaacca aggacacct catgatctcc cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg 780

gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg 840  
 cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc 900  
 gtctcaccg tctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc 960  
 aacaaagccc tccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga 1020  
 gaaccacagg tgiacacct gccccatcc cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc 1080  
 ctgacctgcc tggicaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat 1140  
 gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccggtgc tggactccga cggctccttc 1200

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca  | 1260 |
| tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc  | 1320 |
| ccgggtaaat ga                                                      | 1332 |
| <210> 433                                                          |      |
| <211> 1329                                                         |      |
| <212> DNA                                                          |      |
| <213> Artificial Sequence                                          |      |
| <220><223> TIM3.24 14H7 IgG1.3f HC (without C-terminal K)          |      |
| <400> 433                                                          |      |
| caggtgcacc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60   |
| tcctgtacag ccttcagtga ctactacatg agctggatcc gccaggctcc aggggaagggg | 120  |
| ctggagtggg tatcatacat tagtaatagt ggtagtatca tatactacgc agactctgtg  | 180  |
| aagggccgat tcaccatctc cagggacaac gccaagaact cagtgtatct gcaaatgaac  | 240  |
| agcctgagag ccgaggacac ggctgtgtat tactgtgcga gagggcgaat tggttttttt  | 300  |
| gactactggg gcccggaac cctggtcacc gtctcctcag ctacaccaa ggcccacatcg   | 360  |
| gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc    | 420  |
| ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc  | 480  |
| agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtcctcag gactctactc cctcagcagc  | 540  |
| gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc acccagacct acatctgcaa cgtgaatcac  | 600  |
| aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga gttgagccca aatcttgtga caaaactcac  | 660  |
| acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc gaagggggccc cgtcagttt cctcttcccc  | 720  |
| ccaaaaccca aggacacct catgatctcc cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg    | 780  |
| gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag ttcaactggt acgtggacgg cgtggaggtg   | 840  |
| cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc   | 900  |
| gtctcaccg tctgcacca ggactggctg aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc     | 960  |
| aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa accatctcca aagccaaagg gcagccccga  | 1020 |
| gaaccacagg tgtacacct gcccctatcc cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc   | 1080 |
| ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat | 1140 |
| gggcagccgg agaacaacta caagaccacg cctcccgtgc tggactccga cggtctcttc  | 1200 |
| ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca  | 1260 |
| tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc  | 1320 |

ccgggttga 1329

<210> 434

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 IgG1.1f HC

<400> 434

caggtgcagc tggtagggatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120

ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac 180

gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcaactggat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300

atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360

gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540

cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600

accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720

gaagggggccc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780

cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctctaccg tcctgcacca ggactggctg 960

aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020

accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatec 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200

cctcccgtgc tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 435

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 IgG1.1 HC (without C-terminal K)

<400> 435

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caggtgcagc tgggtgggac tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc  | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat cgcgcaggct  | 120  |
| ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac  | 180  |
| gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcactggat  | 240  |
| ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt  | 300  |
| atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc  | 360  |
| gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacccctc ctccaagagc   | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg  | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta  | 540  |
| cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc  | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga   | 660  |
| gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc   | 720  |
| gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc caaaaacca aggacaccct catgatctcc  | 780  |
| cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag    | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag  | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcctgcacca ggactggctg  | 960  |
| aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa   | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc   | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg  | 1200 |
| cctcccgctg tggactccga cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag   | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac  | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga                         | 1359 |

<210> 436

<211> 1362

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 IgG1.3f HC

<400> 436

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caggtgcagc tgggtgggac tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc  | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccctcagc gactactaca tgagctggat ccgccaggct  | 120  |
| ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac  | 180  |
| gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcactggat  | 240  |
| ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt  | 300  |
| atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc  | 360  |
|                                                                    |      |
| gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc ttgcaccctc ctccaagagc    | 420  |
| acctctgggg gcacagcgcc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg  | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta   | 540  |
| cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc   | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga   | 660  |
| gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgcccagc acctgaagcc   | 720  |
| gaaggggccc cgtcagctt cctcttcccc ccaaaacca aggacacct catgatctcc     | 780  |
|                                                                    |      |
| cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag    | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag  | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg   | 960  |
| aatggcaagg agtacaagtg caaggctctc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa  | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc    | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg cttctatccc | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg  | 1200 |
|                                                                    |      |
| cctcccgtgc tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag    | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgaggc tetgcacaac  | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga                     | 1362 |

<210> 437

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 IgG1.3f HC (without C-terminal K)

<400> 437

|                                                                    |      |
|--------------------------------------------------------------------|------|
| caggtgcagc tgggtgggac tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc  | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccctcagc gactactaca tgagctggat cgcgcaggct  | 120  |
| ccaggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtgtagtat catatactac    | 180  |
| gcagactctg tgaaggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctacatggat   | 240  |
| ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt  | 300  |
| atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc  | 360  |
| gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcacctc ctccaagagc     | 420  |
| acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg  | 480  |
| acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta   | 540  |
| cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc   | 600  |
| accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga   | 660  |
| gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc    | 720  |
| gaaggggccc cgtcagctt cctcttccc ccaaaaccca aggacacct catgatctcc     | 780  |
| cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag    | 840  |
| ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag  | 900  |
| cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tctgcacca ggactggctg    | 960  |
| aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa   | 1020 |
| accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc    | 1080 |
| cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tgggtcaaagg ctctatccc  | 1140 |
| agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg  | 1200 |
| cctccgtgc tggactccga cggctcctt ttctctata gcaagctcac cgtggacaag     | 1260 |
| agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tctccgtga tgcatgaggc tetgcacaac   | 1320 |
| cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga                         | 1359 |
| <210> 438                                                          |      |
| <211> 1362                                                         |      |
| <212> DNA                                                          |      |
| <213> Artificial Sequence                                          |      |
| <220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.1f HC                   |      |
| <400> 438                                                          |      |
| caggtgcagc tgggtggaatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc | 60   |
| tcctgtgcag cctctggatt caccctcagc gactactaca tgagctggat cgcgcaggct  | 120  |

ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300

atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctcag ctacaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccttcag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgccac cgtgccacg acctgaagcc 720

gaaggggccc cgtcagtctt cctcttcccc caaaaacca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtgtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggt cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc acaaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140

agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgctg tggactccga cggctcctt ttcctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 439  
<211> 1359  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.1 HC (without C-terminal K)  
<400> 439

caggtgcagc tgggtggaatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60

tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctactgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300  
atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctcctcag ctacgaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcacccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaagggggcc cgtcagcttt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900

cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtcttcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tccaagcag catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatec 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgctg tggactccga cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgaggc tctgcacaac 1320

cactacacgc agaagagcct ctccctgtcc ccgggttga 1359

<210> 440  
<211> 1362  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.3f HC  
<400> 440

caggtgcagc tgggtgaatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctactgtat 240

ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300  
atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360



gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660

gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgccac cgtgccagc acctgaagcc 720  
gaagggggcc cgtcagctctt cctcttcccc ccaaaacca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccctg aggtcacatg cgtggtggtg gacgtgagcc acgaagacc tgaggtcaag 840  
ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcc agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtctcaccg tcctgcacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagt caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacacct gccccatcc 1080

cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaagg ctcttatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccag 1200  
cctcccgctg tggactcca cggctccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260  
agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgctccgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacagc agaagagcct ctccctgtcc ccgggtaaat ga 1362

<210> 441

<211> 1359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> TIM3.25 (23B3-VH-G6E-D79Y) IgG1.3f HC (without C-terminal K)

<400> 441

caggtgcagc tgggtggaatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggt 120  
ccaggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggtg gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcaactgtat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggtgtgt attactgtgc gagagacggt 300  
atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaggac cacggtcacc 360  
gtctctcag ctagcaccaa gggcccatcg gtcttcccc tggcaccctc ctccaagagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480

acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acatctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagccca aatcttgtga caaaactcac acatgcccac cgtgcccagc acctgaagcc 720  
gaaggggccc cgtcagtcctt cctcttcccc ccaaaaccca aggacaccct catgatctcc 780  
cggaccacctg aggtcacatg cgtggtgggtg gacgtgagcc acgaagaccc tgaggtaag 840

ttcaactggt acgtggacgg cgtggagggtg cataatgcca agacaaagcc gcgggaggag 900  
cagtacaaca gcacgtaccg tgtggtcagc gtccctaccg tcttgacca ggactggctg 960  
aatggcaagg agtacaagtg caaggtctcc aacaaagccc tcccagcccc catcgagaaa 1020  
accatctcca aagccaaagg gcagccccga gaaccacagg tgtacaccct gccccatcc 1080  
cgggaggaga tgaccaagaa ccaggtcagc ctgacctgcc tggtaaaagg cttctatccc 1140  
agcgacatcg ccgtggagtg ggagagcaat gggcagccgg agaacaacta caagaccacg 1200  
cctcccgctg tggaactcca cggtccttc ttctctata gcaagctcac cgtggacaag 1260

agcaggtggc agcaggggaa cgtcttctca tgcctcgtga tgcatgagc tctgcacaac 1320  
cactacacgc agaagagcct ctcctgtcc ccgggttga 1359

<210> 442  
<211> 645  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 14H7 (TIM3.24) LC  
<400> 442

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtcttgt ctcagggga aagagccacc 60  
ctctcctgca gggccagtca gagtgttagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120  
cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatcca 180  
gacaggttca gtggcagtg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgagtgta ttactgtcag cagtatggta gctcacctct cactttcggc 300  
cctgggacca aagtggatat caaacgaact gtggtgcac catctgtctt catcttcccc 360  
ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420  
tatccagag aggccaaagt acagtggaag gtggataacg ccctccaatc gggtactcc 480  
caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacctg 540  
acgtgagca aagcagacta cgagaacac aaagtctacg cctgcgaagt caccatcag 600

ggcctgagct cgcccgctcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 443

<211> 645

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 LC (VK1)

<400> 443

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtc gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgt ttactgtcag cagtatggta gctcacgat caccttcggc 300

caagggacac gactggagat taaacgaact gtggctgcac catctgtctt catcttccc 360

ccatctgatg agcagttgaa atctggaact gcctctgttg tgtgcctgct gaataacttc 420

tatcccagag aggccaaagt acagtggag gtggataacg cctccaatc gggttaactcc 480

caggagagtg tcacagagca ggacagcaag gacagcacct acagcctcag cagcacctg 540

acgtgagca aagcagacta cgagaaacac aaagtctacg cctgcgaagt cacccatcag 600

ggcctgagct cgcccgctcac aaagagcttc aacaggggag agtgt 645

<210> 444

<211> 639

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 LC (VK2)

<400> 444

gaaattgtgt tgacgcagtc tccaggcacc ctgtctttgt ctccagggga aagagccacc 60

ctctcctgca gggccagtc gagtgtagc agcagctact tagcctggta ccagcagaaa 120

cctggccagg ctcccaggct cctcatctat ggtgcatcca gcagggccac tggcatccca 180

gacaggttca gtggcagtg gtctgggaca gacttcactc tcaccatcag cagactggag 240

cctgaagatt ttgcagtgt ttactgtcag cagtatggta gctcaccttt cggcggaggg 300

accaagtggt agatcaaacg aactgtggct gcaccatctg tcttcatctt cccgccatct 360

gatgagcagt tgaatctgg aactgcctct gttgtgtgcc tgctgaataa ctctatccc 420

agagaggcca aagtacagtg gaaggtggat aacgccctcc aatcgggtaa ctcccaggag 480

agtggtcacag agcaggacag caaggacagc acctacagcc tcagcagcac cctgacgctg 540

agcaaagcag actacgagaa acacaaagtc tacgcctgcg aagtcacca tcagggcctg 600

agctcgcccg tcacaaagag cttcaacagg ggagagtgt 639

<210> 445

<211> 1470

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7 hIgG4 HC

<400> 445

caggtgcacc tgggtggagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60

tcctgtacag ccttcagtga ctactacatg agctggatcc gccaggctcc aggggaagggg 120

ctggagtggg tatcatacat tagtaatagt ggtagtatca tatactacgc agactctgtg 180

aagggccgat tcaccatctc cagggacaac gccaagaact cagtgtatct gcaaataaac 240

agcctgagag ccgaggacac ggctgtgtat tactgtgcga gagggcgaat tggttttttt 300

gactactggg gcccgggaac cctggtcacc gtctctcag cttccaccaa gggcccatcg 360

gtcttcccc tggcgccctg ctccaggagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 420

ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 480

agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 540

gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acacctgcaa cgtgaatcac 600

aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga gttgagctca aaacccact tggtgacaca 660

actcacacat gccacgggtg cccagagccc aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccc 720

cgggtgccag agcccaaatac ttgtgacaca cctccccat gccacgggtg cccagagccc 780

aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccc aggtgcccag cacctgaact cctgggagga 840

ccgtcagtct tctcttccc cccaaaacc aaggataccc ttatgatttc ccggaccctt 900

gaggtcacgt gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ccgaggtcca gttcaagtgg 960

tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc tgcgggagga gcagtacaac 1020

agcacgttcc gtgtgggtcag cgtctcacc gtctgcacc aggactggct gaacggcaag 1080

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aacctctcc 1140

aaaaccaag gacagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc ccgggaggag 1200

atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctaccc cagcgacatc 1260

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaacaccac gcctcccatg 1320  
ctggactccg acggctcctt cttcctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1380  
cagcagggga acatcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccgtacacg 1440

cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1470

<210> 446

<211> 1467

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 14H7 hIgG4 HC (without C-terminal K)

<400> 446

caggtgcacc tggtagagtc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtacag ccttcagtga ctactacatg agctggatcc gccaggctcc aggggaagggg 120  
ctggagtggg tatcatacat tagtaatagt ggtagtatca tatactacgc agactctgtg 180  
aagggccgat tcaccatctc cagggacaac gccaagaact cagtgtatct gcaaatgaac 240

agcctgagag ccgaggacac ggctgtgtat tactgtgcga gagggcgaat tggttttttt 300  
gactactggg gcccgggaac cctggtcacc gtctctcag cttccaccaa gggcccatcg 360  
gtcttcccc tggcgccctg ctccaggagc acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc 420  
ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc 480  
agcggcgtgc acaccttccc ggctgtctta cagtctcag gactctactc cctcagcagc 540  
gtggtgaccg tgcctccag cagcttgggc acccagacct acacctgcaa cgtgaatcac 600  
aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga gttgagctca aaacccact tggtagacac 660

actcacacat gcccacggtg cccagagccc aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccc 720  
cgggtgccag agcccaaatt ttgtgacaca cctccccat gcccacggtg cccagagccc 780  
aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccc aggtgcccag cactgaact cctgggagga 840  
ccgtcagtct tctcttccc cccaaaacc aaggataccc ttatgatttc cggacccct 900  
gaggtcacgt gcgtgggtgt ggacgtgagc cacgaagacc ccgaggtcca gttcaagtgg 960  
tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc aagacaaagc tgcgggagga gcagtacaac 1020  
agcacgttcc gtgtggtcag cgtctcacc gtctgcacc aggactggct gaacggcaag 1080

gagtacaagt gcaaggtctc caacaaagcc ctcccagccc ccatcgagaa aaccatctcc 1140  
aaaaccaaag gacagccccg agaaccacag gtgtacaccc tgccccatc cggggaggag 1200  
atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc ctggtcaaag gcttctaccc cagcgacatc 1260

gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg gagaacaact acaacaccac gcctcccatg 1320  
ctggactccg acggctcctt ctctctctac agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg 1380  
cagcagggga acatcttctc atgctccgtg atgcatgagg ctctgcacaa ccgtacacg 1440  
cagaagagcc tctccctgtc tccgggt 1467

<210> 447

<211> 1500

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> 23B3 hIgG4 HC

<400> 447

caggtgcagc tggtagggatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cctctggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcaactgat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300  
atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360

gtctctcag ctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcgccctg ctccaggagc 420  
acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acacttccc ggctgtccta 540  
cagtcctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acactgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagctca aaacccact tggtagacaca actcacacat gcccacggtg cccagagccc 720  
aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccca cggtgcccag agcccaaatc ttgtgacaca 780

cctcccccat gcccacggtg cccagagccc aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccca 840  
aggtagccag cacctgaact cctgggagga ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc 900  
aaggataccc ttatgatttc ccggaccctt gaggtcacgt gcgtgggtgt ggacgtgagc 960  
cacgaagacc ccgaggtcca gttcaagtgg tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc 1020  
aagacaaagc tgcgggagga gcagtacaac agcacgttcc gtgtgggtcag cgtcctcacc 1080  
gtcctgcacc aggactggct gaacggcaag gactacaagt gcaaggcttc caacaaagcc 1140  
ctccagccc ccatcgagaa aaccatctcc aaaaccaaag gacagccccg agaaccacag 1200

gtgtacacc tgccccatc ccgggaggag atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc 1260

ctggtcaaag gcttctaccc cagcgacatc gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg 1320  
gagaacaact acaacaccac gcctcccatg ctggactccg acggctcctt ctctctctac 1380  
agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga acatcttctc atgctccgtg 1440  
atgcatgagg ctctgcacaa ccgctacacg cagaagagcc tctccctgtc tccgggtaaa 1500  
<210> 448  
<211> 1497  
<212> DNA  
<213> Artificial Sequence  
<220><223> 23B3 hIgG4 HC (without C-terminal K)  
<400> 448

cagggtcagc tgggtggatc tgggggaggc ttggtcaagc ctggagggtc cctgagactc 60  
tcctgtgcag cccttggatt caccttcagt gactactaca tgagctggat ccgccaggct 120  
ccagggaagg ggctggaatg ggtttcattc attagtggta gtggtagtat catatactac 180  
gcagactctg tgaagggccg attcaccatc tccagggaca acgccaagaa ctcaactgat 240  
ctgcaaatga acagcctgag agccgaggac acggctgtgt attactgtgc gagagacggt 300  
atggttcggg gaatgaactt ctacggtatg gacgtctggg gccaaaggac cacggtcacc 360  
gtctctcag ctccaccaa gggcccatcg gtcttccccc tggcgccctg ctccaggagc 420

acctctgggg gcacagcggc cctgggctgc ctggtcaagg actacttccc cgaaccggtg 480  
acggtgtcgt ggaactcagg cgccctgacc agcggcgtgc acaccttccc ggctgtccta 540  
cagtctcag gactctactc cctcagcagc gtggtgaccg tgccctccag cagcttgggc 600  
accagacct acacctgcaa cgtgaatcac aagcccagca acaccaaggt ggacaagaga 660  
gttgagctca aaacccact tggtagacaca actcacacat gcccacggtg cccagagccc 720  
aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccca cggtgcccag agcccaaatc ttgtgacaca 780  
cctccccc at gcccacggtg cccagagccc aaatcttgtg acacacctcc cccgtgccca 840

agggtcccag cacctgaact cctgggagga ccgtcagtct tcctcttccc cccaaaaccc 900  
aaggataccc ttatgatttc ccggaccctt gaggtcacgt gcgtgggtgt ggacgtgagc 960  
cacgaagacc ccgaggtcca gttcaagtgg tacgtggacg gcgtggaggt gcataatgcc 1020  
aagacaaagc tgcgggagga gcagtacaac agcacgttcc gtgtgggtcag cgtcctcacc 1080  
gtcctgcacc aggactggct gaacggcaag gactacaagt gcaaggcttc caacaaagcc 1140  
ctccagccc ccacgagaa aaccatctcc aaaaccaaag gacagccccg agaaccacag 1200  
gtgtacacc tgccccatc ccgggaggag atgaccaaga accaggtcag cctgacctgc 1260

|                                                                   |      |
|-------------------------------------------------------------------|------|
| ctggtcaaag gcttctaccc cagcgacatc gccgtggagt gggagagcaa tgggcagccg | 1320 |
| gagaacaact acaacaccac gcctcccatg ctggactccg acggctcctt ctctctctac | 1380 |
| agcaagctca ccgtggacaa gagcaggtgg cagcagggga acatcttctc atgtccgtg  | 1440 |
| atgcatgagg ctctgcacaa ccgtacacg cagaagagcc tctccctgtc tccgggt     | 1497 |