(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2023-0156079
(43) 공개일자 2023년11월13일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 16/28 (2006.01) *A61K 39/00* (2006.01)
A61P 35/00 (2006.01)
(52) CPC특허분류
C07K 16/28 (2013.01)
A61P 35/00 (2018.01)
(21) 출원번호 10-2023-7032303
(22) 출원일자(국제) 2022년03월09일
심사청구일자 없음
(85) 번역문제출일자 2023년09월20일
(86) 국제출원번호 PCT/US2022/019556
(87) 국제공개번호 WO 2022/192403
국제공개일자 2022년09월15일
(30) 우선권주장
63/158,584 2021년03월09일 미국(US)

(71) 출원인
젠코어 인코포레이티드
미국 캘리포니아 패서디나 노스 할스테드 스트리트 465 스위트 200 (우: 91107)
(72) 발명자
파버 매튜 에스.
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
이성형
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
유미특허법인

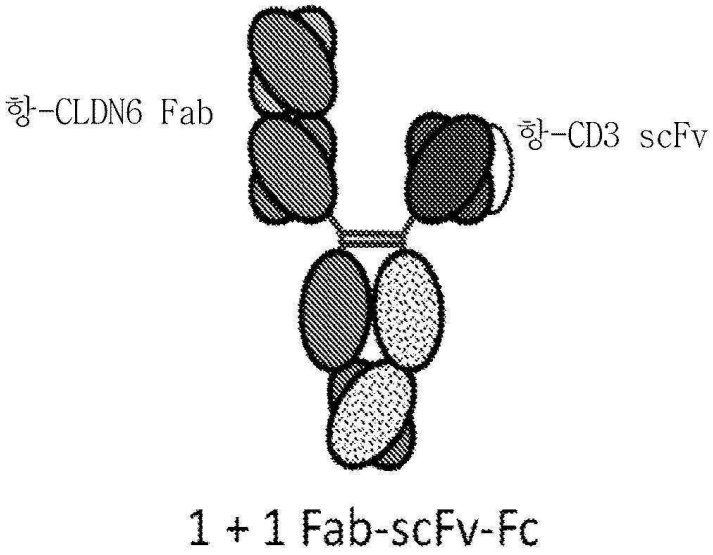
전체 청구항 수 : 총 52 항

(54) 발명의 명칭 **CD3과 CLDN6에 결합하는 이종이량체 항체**

(57) 요 약

신규한 CLDN6 결합 도메인, 및 이러한 CLDN6 결합 도메인을 포함하는 항-CLDN6 x 항-CD3 항체가 본원에 제공된다. 또한, CLDN6 관련 암을 치료하기 위해 이러한 항체를 사용하는 방법이 본원에 제공된다.

대 표 도 - 도17a



(52) CPC특허분류
C07K 16/2809 (2013.01)
C07K 2317/24 (2013.01)
C07K 2317/31 (2013.01)
C07K 2317/33 (2013.01)
C07K 2317/54 (2013.01)
C07K 2317/55 (2013.01)
C07K 2317/622 (2013.01)
C07K 2317/73 (2013.01)
C07K 2317/92 (2013.01)

(72) 발명자
김윤경
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
치 징
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
에이버리 켄드라 엔.
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
추 승 와이.
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
니스탈 알렉스
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
버넷 매튜 제이.
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
데스자라이스 존 알.
미국 91016 캘리포니아주 몬로비아 웨스트 레몬 애비뉴 111 젠코어 인코포레이티드내
보르헤르트 차드
미국 미네소타주 미니애폴리스 매킨리 플레이스 엔이 614 바이오-테크네 코포레이션 내

명 세 서

청구범위

청구항 1

CLDN6 항원 결합 도메인(ABD)을 포함하는 조성물로서, 여기서 CLDN6 항원 결합 도메인은 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 가변 중쇄 도메인(VH)/가변 경쇄 도메인(VL) 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 포함하는 조성물: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27,

H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

청구항 2

제1항에 있어서, ABD가 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함하는, 조성물: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19,

H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

청구항 3

제2항에 있어서, VH/VL 쌍이 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187로 이루어지는 군에서 선택되는, 조성물.

청구항 4

제1항 내지 제3항 중 어느 한 항에 있어서, 단클론 항체인 조성물.

청구항 5

핵산 조성물로서,

a) VH 도메인을 인코딩하는 제1 핵산과,

b) VL 도메인을 인코딩하는 제2 핵산을 포함하며,

여기서 VH와 VL은 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 쌍인, 핵산 조성물: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60,

H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

청구항 6

발현 벡터 조성물로서,

a) 제5항의 제1 핵산을 포함하는 제1 발현 벡터와,

b) 제5항의 제2 핵산을 포함하는 제2 발현 벡터를, 각각 포함하는, 발현 벡터 조성물.

청구항 7

제5항의 제1 핵산과 제2 핵산을 포함하는 발현 벡터.

청구항 8

제6항의 발현 벡터 조성물 또는 제7항의 발현 벡터를 포함하는 숙주세포.

청구항 9

제8항의 숙주세포를 ABD가 발현되는 조건 하에서 배양하는 단계와 ABD를 회수하는 단계를 포함하는, CLDN6 ABD를 제조하는 방법.

청구항 10

이종이량체 항체로서,

a) 제1 단량체로서,

i) 제1 가변 경쇄 도메인, scFv 링커 및 제1 가변 중쇄 도메인을 포함하는 항-CD3 scFv와,

ii) 제1 Fc 도메인을 포함하며, 여기서 scFv는 도메인 링커를 사용하여 제1 Fc 도메인의 N-말단에 공유결합으로 부착되어 있는, 제1 단량체;

b) VH2-CH1-힌지-CH2-CH3 단량체를 포함하는 제2 단량체(여기서 VH는 제2 가변 중쇄 도메인이고, CH2-CH3은 제2 Fc 도메인임); 및

c) 제2 가변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 포함하며,

여기서 제2 가변 중쇄 도메인과 제2 가변 경쇄 도메인은 CLDN6 항원 결합 도메인(ABD)을 형성하는, 이종이량체 항체.

청구항 11

제10항에 있어서, CLDN6 결합 도메인이 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 가변 중쇄 도메인/가변 경쇄 도메인 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 포함하는, 이종이량체 항체: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60,

H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

청구항 12

제10항 또는 제11항에 있어서, CLDN6 결합 도메인이 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함하는, 이종이량체 항체: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21,

H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

청구항 13

제10항 또는 제11항에 있어서, CLDN6 결합 도메인이 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함하는, 이종이량체 항체: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187.

청구항 14

제10항 내지 제13항 중 어느 한 항에 있어서, 항-CD3 scFv가 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함하는, 이종이량체 항체: H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31.

청구항 15

제10항 내지 제15항 중 어느 한 항에 있어서, scFv 링커가 하전된 scFv 링커인, 이종이량체 항체.

청구항 16

제10항 내지 제16항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인이 변이형 Fc 도메인인, 이종이량체 항체.

청구항 17

제16항에 있어서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인이 도 1a 내지 도 1e에 도시된 것들로 이루어지는 군에서 선택되는 이종이량체화 변이체 세트를 포함하는, 이종이량체 항체.

청구항 18

제17항에 있어서, 이종이량체화 변이체 세트가 S364K/E357Q : L368D/K370S; S364K : L368D/K370S; S364K : L368E/K370S; D401K: T411E/K360E/Q362E; 및 T366W : T366S/L368A/Y407V로 이루어지는 군에서 선택되며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 19

제17항 또는 제18항에 있어서, 제1 단량체와 제2 단량체가 하나 이상의 절제(ablation) 변이체를 추가로 포함하는, 이종이량체 항체.

청구항 20

제19항에 있어서, 하나 이상의 절제 변이체가 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 21

제10항 내지 제20항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 단량체 또는 제2 단량체 중 하나가 하나 이상의 pI 변이체를 포함하는, 이종이량체 항체.

청구항 22

제21항에 있어서, 하나 이상의 pI 변이체가 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 23

제10항 내지 제22항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 단량체가 아미노산 변이체 S364K/E357Q/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고,

제2 단량체가 아미노산 변이체 L368D/K370S/N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 24

제23항에 있어서, 제1 단량체와 제2 단량체가 각각 아미노산 변이체 428/434S를 추가로 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 25

이종이량체 항체로서,

a) N-말단에서 C-말단으로, scFv-링커-CH2-CH3을 포함하는 제1 단량체

(여기서 scFv는 항-CD3 scFv이고, CH2-CH3은 제1 Fc 도메인임);

b) N-말단에서 C-말단으로, VH-CH1-힌지-CH2-CH3을 포함하는 제2 단량체(여기서 CH2-CH3은 제2 Fc 도메인임); 및

c) VL-CL을 포함하는 경쇄를 포함하며,

여기서 제1 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 S364K/E357Q를 포함하고,

제2 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 L368D/K370S를 포함하고,

제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인은 각각 아미노산 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고,

제2 단량체의 CH1-힌지-CH2-CH3은 아미노산 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D를 포함하고,

VH와 VL은, 각각, H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187에서 선택되는 CLDN6 결합 도메인의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하는 CLDN6 결합 도메인을 형성하고;

항-CD3 scFv는 H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31에서 선택되는 CD3 결합 도메인의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하며,

여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 26

제25항에 있어서, 제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인이 각각 아미노산 변이체 428/434S를 추가로 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 27

핵산 조성물로서,

a) 제10항 내지 제26항 중 어느 한 항의 제1 단량체를 인코딩하는 제1 핵산;

b) 제20항 내지 제26항 중 어느 한 항의 제2 단량체를 인코딩하는 제2 핵산; 및

c) 제10항 내지 제26항 중 어느 한 항의 경쇄를 인코딩하는 제3 핵산을, 각각 포함하는, 핵산 조성물.

청구항 28

발현 벡터 조성물로서,

a) 제27항의 제1 핵산을 포함하는 제1 발현 벡터;

b) 제27항의 제2 핵산을 포함하는 제2 발현 벡터; 및

c) 제27항의 제3 핵산을 포함하는 제3 발현 벡터를 포함하는 발현 벡터 조성물.

청구항 29

제28항의 발현 벡터 조성물로 형질전환된 숙주세포.

청구항 30

제29항의 숙주세포를 항체가 발현되는 조건 하에서 배양하는 단계와 항체를 회수하는 단계를 포함하는, 이종이량체 항체를 제조하는 방법.

청구항 31

이종이량체 항체로서,

a) N-말단에서 C-말단으로, VH1-CH1-링커 1-scFv-링커 2-CH2-CH3을 포함하는 제1 단량체

(여기서 VH1은 제1 가변 중쇄 도메인이고, scFv는 항-CD3 scFv이고, 링커 1과 링커 2는, 각각, 제1 도메인 링커와 제2 도메인 링커이고, CH2-CH3은 제1 Fc 도메인임);

b) N-말단에서 C-말단으로, VH2-CH1-힌지-CH2-CH3을 포함하는 제2 단량체(여기서 VH2는 제2 가변 중쇄 도메인이고, CH2-CH3은 제2 Fc 도메인임); 및

c) 가변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 포함하며,

여기서 제1 가변 중쇄 도메인과 제1 가변 경쇄 도메인은 제1 CLDN6 ABD를 형성하고, 제2 가변 중쇄 도메인과 제2 가변 경쇄 도메인은 제2 CLDN6 ABD를 형성하는, 이종이량체 항체.

청구항 32

제31항에 있어서, 제1 CLDN6 결합 도메인과 제2 CLDN6 결합 도메인이 각각 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 포함하는, 이종이량체 항체: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60,

H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

청구항 33

제31항 또는 제32항에 있어서, 제1 CLDN6 결합 도메인과 제2 CLDN6 결합 도메인이 각각 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함하는, 이종이량체 항체: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19,

H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

청구항 34

제31항 내지 제33항 중 어느 한 항에 있어서, VH/VL 쌍이 하기로 이루어지는 군에서 선택되는, 이종이량체 항체: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187.

청구항 35

제31항 내지 제34항 중 어느 한 항에 있어서, scFv가 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 포함하는, 이종이량체 항체: H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30,

L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31.

청구항 36

제35항에 있어서, scFv가 하기 CD3 결합 도메인 중 임의의 것의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하는, 이종이량체 항체: H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31.

청구항 37

제31항 내지 제36항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인이 변이형 Fc 도메인인, 이종이량체 항체.

청구항 38

제31항 내지 제37항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인이 도 1a 내지 도 1e에 도시된 것들로 이루어지는 군에서 선택되는 이종이량체화 변이체 세트를 포함하는, 이종이량체 항체.

청구항 39

제38항에 있어서, 이종이량체화 변이체 세트가 S364K/E357Q : L368D/K370S; S364K : L368D/K370S; S364K : L368E/K370S; D401K: T411E/K360E/Q362E; 및 T366W : T366S/L368A/Y407V로 이루어지는 군에서 선택되며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 40

제31항 내지 제39항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 단량체와 제2 단량체가 하나 이상의 절제 변이체를 추가로 포함하는, 이종이량체 항체.

청구항 41

제40항에 있어서, 하나 이상의 절제 변이체가 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 42

제31항 내지 제41항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 단량체 또는 제2 단량체 중 하나가 하나 이상의 pI 변이체를 추가로 포함하는, 이종이량체 항체.

청구항 43

제42항에 있어서, pI 변이체가 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 44

제31항 내지 제43항 중 어느 한 항에 있어서, 제1 변이형 Fc 도메인이 아미노산 변이체 S364K/E357Q/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고,

제2 변이형 Fc 도메인이 아미노산 변이체 L368D/K370S/N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 45

제44항에 있어서, scFv 링커가 아미노산 서열 $(GKPGS)_4$(서열번호 1)를 갖는 하전된 scFv 링커인, 이종이량체 항체.

청구항 46

제45항에 있어서, 제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인이 각각 아미노산 변이체 428/434S를 추가로 포

함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 47

이종이량체 항체로서,

a) N-말단에서 C-말단으로, VH1-CH1-링커 1-scFv-링커 2-CH2-CH3을 포함하는 제1 단량체

(여기서 scFv는 항-CD3 scFv이고, CH2-CH3은 제1 Fc 도메인임);

b) N-말단에서 C-말단으로, VH1-CH1-힌지-CH2-CH3을 포함하는 제2 단량체(여기서 CH2-CH3은 제2 Fc 도메인임); 및

c) VL-CL을 포함하는 공통 경쇄를 포함하며,

여기서 제1 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 S364K/E357Q를 포함하고,

제2 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 L368D/K370S를 포함하고,

제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인은 각각 아미노산 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고,

제2 단량체의 CH1-힌지-CH2-CH3은 아미노산 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D를 포함하고,

VH와 VL은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187에서 선택되는 CLDN6 ABD의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하고;

항-CD3 scFv는 H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31에서 선택되는 CD3 결합 도메인의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하며,

여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따르는 것인, 이종이량체 항체.

청구항 48

제47항에 있어서, 제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인이 각각 아미노산 변이체 428/434S를 추가로 포함하는, 이종이량체 항체.

청구항 49

핵산 조성물로서,

a) 제30항 내지 제47항 중 어느 한 항의 제1 단량체를 인코딩하는 제1 핵산;

b) 제30항 내지 제47항 중 어느 한 항의 제2 단량체를 인코딩하는 제2 핵산; 및

c) 제30항 내지 제47항 중 어느 한 항의 경쇄를 인코딩하는 제3 핵산을, 각각 포함하는, 핵산 조성물.

청구항 50

발현 벡터 조성물로서,

a) 제49항의 제1 핵산을 포함하는 제1 발현 벡터;

b) 제49항의 제2 핵산을 포함하는 제2 발현 벡터; 및

c) 제49항의 제3 핵산을 포함하는 제3 발현 벡터를 포함하는, 발현 벡터 조성물.

청구항 51

제50항의 발현 벡터 조성물로 형질전환된 숙주세포.

청구항 52

제51항의 숙주세포를 항체가 발현되는 조건 하에서 배양하는 단계와 항체를 회수하는 단계를 포함하는, 이종이량체 항체를 제조하는 방법.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 우선권 주장

[0002] 본 출원은 2021년 3월 9일자 출원된 미국 임시 출원 제63/158,584호를 우선권 주장하며, 상기 문헌은 그 전문이 본원에 참조로 인용된다.

[0003] 서열목록

[0004] 본 출원은 ASCII 형식으로 전자문서로 제출된 서열목록을 포함하며, 상기 서열목록은 그 전체가 본원에 참조로 인용된다. 2022년 2월 24일자 생성된 상기 ASCII 사본의 명칭은 067461-5281-WO_SL.txt이며, 크기는 991,664 바이트이다.

배 경 기 술

[0005] 항체 기반 치료제는 암을 비롯한 다양한 질환을 치료하는 데 성공적으로 사용되어 왔다. 점점 더 널리 탐구되고 있는 방법은 2가지 상이한 항원에 공동으로 결합하는 단일 면역글로불린 분자의 조작이다. 2가지 상이한 항원에 결합하는 이러한 교대 항체 형식은 종종 이중특이적 항체로 지칭된다. 항체 가변 영역(Fv)의 상당한 다양성으로 인해 사실상 모든 분자를 인식하는 Fv를 생성할 수 있기 때문에, 이중특이적 항체 생성에 대한 전형적인 접근법은 항체에 새로운 가변 영역을 도입하는 것이다.

[0006] 이중특이적 항체에 특히 유용한 접근법은, 이중특이적 항체가 CD3+ T세포를 재지시하여 암세포를 파괴하도록, CD3과 결합하는 제1 결합 도메인과, 암세포와 관련이 있거나 암세포에서 상향조절되는 항원과 결합하는 제2 결합 도메인을 조작하는 것이다. 클라우딘 6(CLDN6)은 위암, 폐암 및 난소암에서 상향조절되는 것으로 확인되었다. 이러한 관점에서, 항-CLDN6 항체는, 예를 들어 항종양 치료제(예를 들어, 화학요법제 및 T세포)를 이러한 CLDN6 발현 종양에 국소화시키는 데 유용한 것으로 여겨진다. 본 발명은 CD3+ 이펙터 T세포를 CLDN6 발현 종양에 국소화시킬 수 있는, CD3 및 CLDN6에 대한 신규한 이중특이적 항체를 제공한다.

발명의 내용

[0007] 신규한 CLDN6 결합 도메인, 및 이러한 CLDN6 결합 도메인을 포함하는 항-CLDN6 x 항-CD3 항체가 본원에 제공된다. 또한, CLDN6 관련 암을 치료하기 위해 이러한 항체를 사용하는 방법이 본원에 제공된다.

[0008] 제1 양태에서, CLDN6 항원 결합 도메인을 포함하는 조성물이 본원에 제공된다. 일부 구현예에서, CLDN6 항원 결합 도메인은 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 가변 중쇄 도메인(VH)/가변 경쇄 도메인(VL) 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, v1CDR1, v1CDR2 및 v1CDR3)를 포함한다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_

L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0009] 일부 구현예에서, CLDN6 항원 결합 도메인은 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함한다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1,

H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114,

H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0010] 3. 일부 구현예에서, VH/VL 쌍은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187로 이루어지는 군에서 선택된다.

[0011] 일부 구현예에서, 상기 조성물은 단클론 항체이다.

[0012] 또 다른 양태에서, a) 제1 단량체, b) 제2 단량체 및 c) 경쇄를 포함하는 이중이량체 항체가 본원에 제공된다. 제1 단량체는 i) 제1 가변 경쇄 도메인, scFv 링커 및 제1 가변 중쇄 도메인을 포함하는 항-CD3 scFv와, ii) 제1 Fc 도메인을 포함하며, 여기서 scFv는 도메인 링커를 사용하여 제1 Fc 도메인의 N-말단에 공유결합으로 부착되어 있다. 제2 단량체는 VH2-CH1-힌지-CH2-CH3 단량체를 포함하며, 여기서 VH는 제2 가변 중쇄 도메인이고, CH2-CH3은 제2 Fc 도메인이다. 경쇄는 제2 가변 경쇄 도메인을 포함한다. 이러한 구현예에서, 제2 가변 중쇄 도메인과 제2 가변 경쇄 도메인은 CLDN6 항원 결합 도메인(ABD)을 형성한다.

[0013] 일부 구현예에서, CLDN6 결합 도메인은 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 가변 중쇄 도메인/가변 경쇄 도메인 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 포함한다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19,

H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0014] 일부 구현예에서, CLDN6 결합 도메인은 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함한다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4,

H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187,

H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0015] 특정 구현예에서, CLDN6 결합 도메인은 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함한다: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187.

[0016] 이종이량체 항체의 일부 구현예에서, 항-CD3 scFv는 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함한다: H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31.

[0017] 이종이량체 항체의 일부 구현예에서, scFv 링커는 하전된 scFv 링커이다.

[0018] 일부 구현예에서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인은 변이형 Fc 도메인이다. 일부 구현예에서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인은 도 1a 내지 도 1e에 도시된 것들로 이루어지는 군에서 선택되는 이종이량체화 변이체 세트를 포함한다. 일부 구현예에서, 이종이량체화 변이체 세트는 S364K/E357Q : L368D/K370S; S364K : L368D/K370S; S364K : L368E/K370S; D401K: T411E/K360E/Q362E; 및 T366W : T366S/L368A/Y407V로 이루어지는 군에서 선택되며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0019] 일부 구현예에서, 제1 단량체와 제2 단량체는 하나 이상의 절제(ablation) 변이체를 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 절제 변이체는 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0020] 예시적인 구현예에서, 제1 단량체 또는 제2 단량체 중 하나는 하나 이상의 pI 변이체를 포함한다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 pI 변이체는 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0021] 이종이량체 항체의 예시적인 구현예에서, 제1 단량체는 아미노산 변이체 S364K/E357Q/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고, 제2 단량체는 아미노산 변이체 L368D/K370S/N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0022] 일부 구현예에서, 제1 단량체와 제2 단량체는 각각 아미노산 변이체 428/434S를 추가로 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0023] 또 다른 양태에서, a) N-말단에서 C-말단으로, scFv-링커-CH2-CH3을 포함하는 제1 단량체(여기서 scFv는 항-CD3 scFv이고, CH2-CH3은 제1 Fc 도메인임); b) N-말단에서 C-말단으로, VH-CH1-힌지-CH2-CH3을 포함하는 제2 단량체(여기서, CH2-CH3은 제2 Fc 도메인임); 및 c) VL-CL을 포함하는 경쇄를 포함하는 이종이량체 항체가 본원에 제공된다. 제1 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 S364K/E357Q를 포함하고, 제2 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 L368D/K370S를 포함하며, 제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인은 각각 아미노산 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고, 제2 단량체의 CH1-힌지-CH2-CH3은 아미노산 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D를 포함한다(EU 넘버링). 나아가, VH와 VL은, 각각, H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187에서 선택되는 CLDN6 결합 도메인의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하는 CLDN6 결합 도메인을 형성하고; 항-CD3 scFv는 H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31에서 선택되는 CD3 결합 도메인의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함한다.

[0024] 일부 구현예에서, 제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인은 각각 아미노산 변이체 428/434S를 추가로 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0025] 또 다른 양태에서, a) 제1 단량체, b) 제2 단량체 및 c) 공통 경쇄를 포함하는 이종이량체 항체가 본원에 제공된다. 제1 단량체는, N-말단에서 C-말단으로, VH1-CH1-링커 1-scFv-링커 2-CH2-CH3을 포함하며, 여기서 VH1은

제1 가변 중쇄 도메인이고, scFv는 항-CD3 scFv이고, 링커 1과 링커 2는, 각각, 제1 도메인 링커와 제2 도메인 링커이고, CH2-CH3은 제1 Fc 도메인이다. 제2 단량체는, N-말단에서 C-말단으로, VH2-CH1-힌지-CH2-CH3(여기서, VH2는 제2 가변 중쇄 도메인이고, CH2-CH3은 제2 Fc 도메인임)을 포함하고; c) 공통 경쇄는 가변 경쇄 도메인을 포함한다. 제1 가변 중쇄 도메인과 제1 가변 경쇄 도메인은 제1 CLDN6 ABD를 형성하고, 제2 가변 중쇄 도메인과 제2 가변 경쇄 도메인은 제2 CLDN6 ABD를 형성한다.

[0026] 일부 구현예에서, 제1 CLDN6 결합 도메인과 제2 CLDN6 결합 도메인은 각각 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 포함한다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60,

H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0027] 예시적인 구현예에서, 제1 CLDN6 결합 도메인과 제2 CLDN6 결합 도메인은 각각 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 포함한다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19,

H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0028] 일부 구현예에서, VH/VL 쌍은 하기로 이루어지는 군에서 선택된다: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187.

[0029] 일부 구현예에서, scFv는 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 포함한다: H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31. 예시적인 구현예에서, scFv는 하기 CD3 결합 도메인 중 임의의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함한다: H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31.

[0030] 이종이량체 항체의 일부 구현예에서, scFv 링커는 하전된 scFv 링커이다. 일부 구현예에서, scFv 링커는 아미노산 서열(GKPGS)$_4$(서열번호 1)을 갖는 하전된 scFv 링커이다.

[0031] 일부 구현예에서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인은 변이형 Fc 도메인이다. 일부 구현예에서, 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인은 도 1a 내지 도 1e에 도시된 것들로 이루어지는 군에서 선택되는 이종이량체화 변이체 세트를 포함한다. 일부 구현예에서, 이종이량체화 변이체 세트는 S364K/E357Q : L368D/K370S; S364K : L368D/K370S; S364K : L368E/K370S; D401K: T411E/K360E/Q362E; 및 T366W : T366S/L368A/Y407V로 이루어지는 군에서 선택되며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0032] 일부 구현예에서, 제1 단량체와 제2 단량체는 하나 이상의 절제 변이체를 추가로 포함한다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 절제 변이체는 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0033] 예시적인 구현예에서, 제1 단량체 또는 제2 단량체 중 하나는 하나 이상의 pI 변이체를 포함한다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 pI 변이체는 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D이며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0034] 이종이량체 항체의 예시적인 구현예에서, 제1 단량체는 아미노산 변이체 S364K/E357Q/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고, 제2 단량체는 아미노산 변이체 L368D/K370S/N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D/E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0035] 일부 구현예에서, 제1 단량체와 제2 단량체는 각각 아미노산 변이체 428/434S를 추가로 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다.

[0036] 또 다른 양태에서, a) 제1 단량체, b) 제2 단량체 및 c) 공통 경쇄를 포함하는 이종이량체 항체가 본원에 제공된다. 제1 단량체는, N-말단에서 C-말단으로, VH1-CH1-링커 1-scFv-링커 2-CH2-CH3을 포함하며, 여기서 scFv는 항-CD3 scFv이고, CH2-CH3은 제1 Fc 도메인이다. 제2 단량체는, N-말단에서 C-말단으로, VH1-CH1-힌지-CH2-CH3을 포함하며, 여기서 CH2-CH3은 제2 Fc 도메인이다. 공통 경쇄는 VL-CL을 포함한다. 제1 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 S364K/E357Q를 포함하고, 제2 변이형 Fc 도메인은 아미노산 변이체 L368D/K370S를 포함하며, 제1 변이형 Fc 도메인과 제2 변이형 Fc 도메인은 각각 아미노산 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 포함하고, 제2 단량체의 CH1-힌지-CH2-CH3은 아미노산 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D를 포함한다(EU 넘버링). VH와 VL은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187에서 선택되는 CLDN6 ABD의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하고; 항-CD3 scFv는 H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31에서 선택되는 CD3 결합 도메인의 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함한다.

[0037] 또한, 본원에 기재된 항체를 인코딩하는 핵산을 포함하는 핵산 조성물, 이러한 핵산을 포함하는 발현 벡터 조성물, 발현 벡터 조성물을 포함하는 항체를 제조하기 위한 숙주세포, 및 항체를 제조하는 방법이 본원에 제공된다.

도면의 간단한 설명

[0038] 도 1a 내지 도 1e는, Fc 이종이량체화를 유도하는 유용한 Fc 이종이량체화 변이체 세트의 쌍(비대칭 변이체와 pI 변이체를 포함함)을 도시한 것이다. 상응하는 "단량체 2" 변이체가 없는 변이체가 존재하며, 이는 단량체 중 어느 하나에 단독으로 사용될 수 있는 pI 변이체이다.

도 2는, 등입체성(isosteric) 변이형 항체 불변 영역 및 이의 각각의 치환의 목록을 도시한 것이다. pI_(-)는 보다 낮은 pI를 갖는 변이체를 나타내고, pI_(+)는 보다 높은 pI를 갖는 변이체를 나타낸다. 이는 본 발명의 다른 이종이량체화 변이체(및 또한 본원에 개괄된 바와 같은 다른 변이체 유형)와 선택적으로 및 독립적으로 조합될 수 있다.

도 3은, FcγR 결합을 절제하는 유용한 절제 변이체(때때로 "녹아웃(knock out)" 또는 "KO" 변이체로 지칭됨)를 도시한 것이다. 일반적으로, 절제 변이체는 두 개의 단량체 모두에서 발견되지만, 일부 경우에 하나의 단량체에만 존재할 수도 있다.

도 4는, 본 발명의 "비(non)-Fv" 구성요소의 특히 유용한 구현예를 도시한 것이다.

도 5는, 본원에 기재된 바와 같이 구성요소로서 하나 이상의 scFv를 이용하는 대상 이종이량체 bsAb의 pI를 증

가시키거나 감소시키는 데 사용되는 다수의 하전된 scFv 링커를 도시한 것이다. (+H) 양전하 링커가, 특히 본원에 제시된 항-CD3 V_L 및 V_H 서열과 함께, 특히 본원에서 사용된다. 단일 전하를 갖는 하나의 선행 기술 scFv 링커는, 문헌[Whitlow et al., Protein Engineering 6(8):989-995 (1993)]에 "휘트로우(Whitlow)"로 언급되어 있다. 이러한 링커가 scFv에서 응집을 감소시키고 단백질분해 안정성을 증강시키는 데 사용되었다는 점에 유의해야 한다. 이와 같이 하전된 scFv 링커는 scFv를 포함하는 본원에 개시된 임의의 대상 항체 형식(예를 들어, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식)에 사용될 수 있다.

도 6은, 다수의 예시적인 도메인 링커를 도시한 것이다. 일부 구현예에서, 이러한 링커는 단일 사슬 Fv를 Fc 사슬에 연결하는 데 사용된다. 일부 구현예에서, 이러한 링커는 조합될 수 있다. 예를 들어, GGGGS 링커(서열번호 5)는 "하프 힌지(half hinge)" 링커와 조합될 수 있다.

도 7a 내지 도 7d는, Fv 서열 없이, 인간 IgG1을 기반으로 하는 몇 가지 유용한 1 + 1 Fab-scFv-Fc 이중특이적 항체 형식 중쇄 백본(예를 들어, Fab 측에 대한 scFv 및 VH)의 서열을 도시한 것이다. 백본 1은 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, S364K/E357Q 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 C220S, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 2는 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K : L368D/K370S 비대칭 변이체, S364K 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 C220S, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 3은 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K : L368E/K370S 비대칭 변이체, S364K 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 C220S, L368E/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 4는 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, D401K : K360E/Q362E/T411E 비대칭 변이체, D401K 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 C220S, K360E/Q362E/T411E 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 5는 인간 IgG1(356D/358L 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, S364K/E357Q 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 C220S, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 6은 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, S364K/E357Q 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 C220S, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체뿐 아니라, 양쪽 사슬 상에 N297A 변이체를 포함한다. 백본 7은, 돌연변이가 N297S인 것을 제외하고는, 백본 6과 동일하다. 백본 8은 인간 IgG4를 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 S228P(EU 넘버링, 이는 Kabat에서 S241P임) 변이체(이는 당업계에 공지된 바와 같이 Fab 아암(arm) 교환을 제거함)를 포함한다. 백본 9는 인간 IgG2를 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, 및 L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체를 포함한다. 백본 10은 인간 IgG2를 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 S267K 변이체를 포함한다. 백본 11은, M428L/N434S Xtend 돌연변이를 포함하는 것을 제외하고는, 백본 1과 동일하다. 백본 12는 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, S364K/E357Q 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 C220S 및 P217R/P229R/N276K pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 이러한 각각의 백본 내에는, (본원에 정의된 바와 같이) 인용된 서열과 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 (당업자가 이해하는 바와 같이, 도면의 "모(parent)" 서열과 비교하여) 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 추가 아미노산 치환을 함유하는(모 인간 IgG1(또는 백본에 따라, IgG2 또는 IgG4)과 비교하여 이미 다수의 아미노산 변형을 함유하는) 서열이 포함되어 있다. 즉, 인용된 백본은 이러한 도면의 백본 내에 함유된 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체에 더하여, 추가의 아미노산 변형(일반적으로 아미노산 치환)을 함유할 수 있다.

도 8a 내지 도 8c는, Fv 서열 없이, 인간 IgG1을 기반으로 하는 몇 가지 유용한 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 이중특이적 항체 형식 중쇄 백본(예를 들어, Fab 측에 대한 scFv 및 VH)의 서열을 도시한 것이다. 백본 1은 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, L368D/K370S 비대칭

변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 2는 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K : L368D/K370S 비대칭 변이체, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 3은 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K : L368E/K370S 비대칭 변이체, L368E/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 4는 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, D401K : K360E/Q362E/T411E 비대칭 변이체, K360E/Q362E/T411E 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 5는 인간 IgG1(356D/358L 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 백본 6은 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, L368D/K370S 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D pI 변이체 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체뿐 아니라, 양쪽 사슬 상에 N297A 변이체를 포함한다. 백본 7은, 돌연변이가 N297S인 것을 제외하고는, 백본 6과 동일하다. 백본 8은, M428L/N434S Xtend 돌연변이를 포함하는 것을 제외하고는, 백본 1과 동일하다. 백본 9는 인간 IgG1(356E/358M 알로타입)을 기반으로 하며, S364K/E357Q : L368D/K370S 비대칭 변이체, S364K/E357Q 비대칭 변이체를 갖는 사슬 상에 P217R/P229R/N276K pI 변이체, 및 양쪽 사슬 상에 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함한다. 이러한 각각의 백본 내에는, (본원에 정의된 바와 같이) 인용된 서열과 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 (당업자가 이해하는 바와 같이, 도면의 "모" 서열과 비교하여) 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 추가 아미노산 치환을 함유하는(모 인간 IgG1(또는 백본에 따라, IgG2 또는 IgG4)과 비교하여 이미 다수의 아미노산 변형을 함유하는) 서열이 포함되어 있다. 즉, 인용된 백본은 이러한 도면의 백본 내에 함유된 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체에 더하여, 추가의 아미노산 변형(일반적으로 아미노산 치환)을 함유할 수 있다.

도 9는, Fv 서열 없이, 인간 IgG1을 기반으로 하는 몇 가지 유용한 불변 경쇄 도메인 백본(예를 들어, scFv 또는 Fab)의 서열을 도시한 것이다. 여기에는, (본원에 정의된 바와 같이) 인용된 서열과 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 추가 아미노산 변형을 함유하는 불변 경쇄 백본 서열이 포함되어 있다.

도 10a 내지 도 10f는, 본 발명의 이중특이적 항체에 사용하기에 적합한 예시적인 항-CD3 scFv에 대한 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, scFv 링커에는 이중 밑줄이 그어져 있으며(당업자가 이해하는 바와 같이, 이러한 링커는 하전되지 않거나 음으로 하전된 링커를 포함하는 다른 링커로 대체될 수 있지만, 해당 서열에서 scFv 링커는 양으로 하전된 scFv $(GKPGS)_4$ 링커임(서열번호 1), 이들 중 일부는 도 5에 도시되어 있음), 슬래시는 가변 도메인의 경계(들)를 나타낸다. 또한, 명명 규칙은 N-말단에서 C-말단으로 scFv의 배향을 보여준다. 본원에 표시되고, CDR을 함유하는 본원의 모든 서열에 대하여 적용되는 바와 같이, CDR 위치의 정확한 식별은 표 2에 제시된 바와 같이 사용되는 넘버링에 따라 약간 상이할 수 있기 때문에, 밑줄 그어진 CDR뿐 아니라 다른 넘버링 시스템을 사용하여 V_H 및 V_L 도메인 내에 포함되는 CDR도 본원에 포함된다. 나아가, 도면의 모든 서열에 대하여, 이러한 V_H 및 V_L 서열은 scFv 형식 또는 Fab 형식 중 어느 하나로 사용될 수 있다.

도 11은, 임상 개발의 용이성을 위해 둘 모두에 결합하는 항원 결합 도메인의 개발을 용이하게 하는, 인간 및 시노몰구스 원숭이 둘 모두를 포함하는 본 발명에 사용되는 다수의 항원에 대한 항원 서열을 도시한 것이다.

도 12는, 인간 CLDN6 서열과 CLDN9 서열의 정렬을 도시한 것으로, 이들 각각의 세포외 루프에서 3개의 차이가 강조 표시되어 있다. 도 12는, 출현 순서에 따라, 각각, 서열번호 173과 서열번호 174를 개시한 것이다.

도 13은, 본원에서 mC6-30으로 지칭되는 예시적인 쥣과 CLDN6 결합 도메인에 대한 가변 중쇄 서열과 가변 경쇄 서열뿐 아니라, mC6-30에 기반하고 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 포함하는 2가 IgG1 mAb인 XENP34243에 대한 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 불변 도메인 사이의 경계(들)를 나타낸다. 본원에 표시되고, CDR을 함유하는 본원의 모든 서열에 대하여 적용되는 바와 같이, CDR 위치의 정확한 식별은 표 2에 제시된 바와 같이 사용되는 넘버링에 따라 약간 상이할 수 있기 때문에, 밑줄 그어진 CDR뿐 아니라 다른 넘버링 시스템을 사용하여 V_H 및 V_L 도메인 내에 포함되는 CDR도 본원에 포함된다.

나아가, 도면의 모든 서열에 대하여, 이러한 V_H 및 V_L 서열은 scFv 형식 또는 Fab 형식 중 어느 하나로 사용될 수 있다.

도 14는, 인간화 C6-30 변이체에 대한 가변 중쇄 서열과 가변 경쇄 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 불변 도메인 사이의 경계(들)를 나타낸다. 본원에 표시되고, CDR을 함유하는 본원의 모든 서열에 대하여 적용되는 바와 같이, CDR 위치의 정확한 식별은 표 2에 제시된 바와 같이 사용되는 넘버링에 따라 약간 상이할 수 있기 때문에, 밑줄 그어진 CDR뿐 아니라 다른 넘버링 시스템을 사용하여 V_H 및 V_L 도메인 내에 포함되는 CDR도 본원에 포함된다. 나아가, 도면의 모든 서열에 대하여, 이러한 V_H 및 V_L 서열은 scFv 형식 또는 Fab 형식 중 어느 하나로 사용될 수 있다. 나아가, 본원에 도시된 가변 중쇄 도메인은 각각 임의의 다른 αCLDN6 가변 경쇄 도메인과 쌍을 이룰 수 있으며; 본원에 도시된 가변 경쇄 도메인은 각각 임의의 다른 αCLDN6 가변 중쇄 도메인과 쌍을 이룰 수 있다.

도 15a 내지 도 15j는, 감소된 분해(예를 들어, 아스파르트산 이성질화 및 탈아미드화) 경향성, CLDN6에 대한 증강된 선택성 및/또는 조절된 CLDN6 결합 친화성을 위해 조작된 C6-30 변이체에 대한 가변 중쇄 서열과 가변 경쇄 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 불변 도메인 사이의 경계(들)를 나타낸다. 본원에 표시되고, CDR을 함유하는 본원의 모든 서열에 대하여 적용되는 바와 같이, CDR 위치의 정확한 식별은 표 2에 제시된 바와 같이 사용되는 넘버링에 따라 약간 상이할 수 있기 때문에, 밑줄 그어진 CDR뿐 아니라 다른 넘버링 시스템을 사용하여 V_H 및 V_L 도메인 내에 포함되는 CDR도 본원에 포함된다. 나아가, 도면의 모든 서열에 대하여, 이러한 V_H 및 V_L 서열은 scFv 형식 또는 Fab 형식 중 어느 하나로 사용될 수 있다. 나아가, 본원에 도시된 가변 중쇄 도메인은 각각 임의의 다른 αCLDN6 가변 경쇄 도메인과 쌍을 이룰 수 있으며; 본원에 도시된 가변 경쇄 도메인은 각각 임의의 다른 αCLDN6 가변 중쇄 도메인과 쌍을 이룰 수 있다.

도 16a 내지 도 16v는, E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 갖는 2가 항-CLDN6 mAb 및 IgG1 백본으로 구성된 예시적인 C6-30[CLDN6] 변이체(모 인간화 변이체와 추가로 조작된 변이체)를 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 불변 도메인 사이의 경계(들)를 나타낸다. 본원에 표시되고, CDR을 함유하는 본원의 모든 서열에 대하여 적용되는 바와 같이, CDR 위치의 정확한 식별은 표 2에 제시된 바와 같이 사용되는 넘버링에 따라 약간 상이할 수 있기 때문에, 밑줄 그어진 CDR뿐 아니라 다른 넘버링 시스템을 사용하여 VH 및 VL 도메인 내에 포함되는 CDR도 본원에 포함된다. 나아가, 도면의 모든 서열에 대하여, 이러한 VH 및 VL 서열은 scFv 형식 또는 Fab 형식 중 어느 하나로 사용될 수 있다.

도 17a 및 도 17b는, 본 발명의 한 쌍의 형식을 도시한 것이다. 도 17a는, CLDN6에 결합하는 제1 Fab 아암과 CD3에 결합하는 제2 scFv 아암을 갖는 "1 + 1 Fab-scFv-Fc" 형식을 도시한 것이다. 도 17b는, CLDN6에 결합하는 제1 Fab 아암과 제2 Fab-scFv 아암을 갖는 "2 + 1 Fab_2-scFv-Fc" 형식을 도시한 것으로, 여기서 Fab은 CLDN6에 결합하고, scFv는 CD3에 결합한다.

도 18은, E233P/L234V/L235A/G236del/S267K 절제 변이체를 갖는 2가 항-CLDN6 IgG1 mAb(XENP26863)로 구성되고, CD3 High를 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc bsAb(XENP26849)로 구성된 비교 기준(comparator)인 CLDN6 결합 도메인의 서열(미국 특허 제10,233,253호에 개시된 바와 같은 서열)을 도시한 것이다.

도 19는, CD3 High scFv(VHVL 배향 또는 VLVH 배향의 H1.30_L1.47)를 포함하는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 예시적인 αCLDN6 x αCD3 bsAb에 대한 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 다른 사슬 구성요소(예를 들어, 불변 영역 및 도메인 링커) 사이의 경계(들)를 나타낸다. αCLDN6 x αCD3 bsAb가 가변 영역, Fc 영역, 및 (본원에 정의된 바와) 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 함유하는 불변 도메인 서열을 이용할 수 있다는 점에 유의해야 한다. 또한, 본원에 개괄된 각각의 서열은 한쪽 또는 바람직하게는 양쪽 Fc 도메인에 M428L/N434S 변이체를 포함하거나 배제할 수 있으며, 이는 혈청 내 반감기를 연장시킨다.

도 20은, CD3 High-Int #1 scFv(VHVL 배향 또는 VLVH 배향의 H1.32_L1.47)를 포함하는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 예시적인 αCLDN6 x αCD3 bsAb에 대한 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 다른 사슬 구성요소(예를 들어, 불변 영역 및 도메인 링커) 사이의 경계(들)를 나타낸다. αCLDN6 x αCD3 bsAb가 가변 영역, Fc 영역, 및 (본원에 정의된 바와) 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 함유하는 불변 도메인 서열을 이용할 수 있다는 점에 유의해야 한다. 또한, 본원에 개괄된 각각의 서열은 한쪽 또는 바람직하게는 양쪽 Fc 도메인에

M428L/N434S 변이체를 포함하거나 배제할 수 있으며, 이는 혈청 내 반감기를 연장시킨다.

도 21a 및 도 21b는, CD3 High scFv(VHVL 배향 또는 VLVH 배향의 H1.30_L1.47)를 포함하는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 예시적인 αCLDN6 x αCD3 bsAb에 대한 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 다른 사슬 구성요소(예를 들어, 불변 영역 및 도메인 링커) 사이의 경계(들)를 나타낸다. αCLDN6 x αCD3 bsAb가 가변 영역, Fc 영역, 및 (본원에 정의된 바와) 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 함유하는 불변 도메인 서열을 이용할 수 있다는 점에 유의해야 한다. 또한, 본원에 개괄된 각각의 서열은 한쪽 또는 바람직하게는 양쪽 Fc 도메인에 M428L/N434S 변이체를 포함하거나 배제할 수 있으며, 이는 혈청 내 반감기를 연장시킨다.

도 22a 내지 도 22h는, CD3 High-Int #1 scFv(VHVL 배향 또는 VLVH 배향의 H1.32_L1.47)를 포함하는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 예시적인 αCLDN6 x αCD3 bsAb에 대한 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 다른 사슬 구성요소(예를 들어, 불변 영역 및 도메인 링커) 사이의 경계(들)를 나타낸다. αCLDN6 x αCD3 bsAb가 가변 영역, Fc 영역, 및 (본원에 정의된 바와) 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 함유하는 불변 도메인 서열을 이용할 수 있다는 점에 유의해야 한다. 또한, 본원에 개괄된 각각의 서열은 한쪽 또는 바람직하게는 양쪽 Fc 도메인에 M428L/N434S 변이체를 포함하거나 배제할 수 있으며, 이는 혈청 내 반감기를 연장시킨다.

도 23은, 인간 CLDN6, CLDN3, CLDN4 또는 CLDN9를 안정적으로 발현하도록 트랜스펙션된 HEK293-Trex 세포뿐 아니라, 모 HEK293-Trex 세포에 대한, C6-10(도 23a), C6-11(도 23b), C6-15(도 23c), C6-21(도 23d), C6-24(도 23e) 및 C6-30(도 23f)으로 지정된 6가지 쥣과 항인간 CLDN6 2가 mAb의 결합을 도시한 것이다. 클론 C6-11, C6-24 및 C6-30은 CLDN9보다 CLDN6에 대한 선택성을 나타냈다.

도 24는, 인간 CLDN6, CLDN3, CLDN4 또는 CLDN9를 안정적으로 발현하도록 트랜스펙션된 HEK293-Trex 세포뿐 아니라, 모 HEK293-Trex 세포에 대한, 상이한 인간화 프레임워크 - H1L1(도 24a), H1L2(도 24b), H2L1(도 24c), H2L2(도 24d) 및 본래 마우스 mAb(도 24e)에서의 C6-30의 인간화 변이체의 결합을 도시한 것이다. 클론 C6-11, C6-24 및 C6-30은 CLDN9보다 CLDN6에 대한 선택성을 나타냈다. C6-30의 인간화 변이체는 각각 CLDN9보다(뿐만 아니라 CLDN3 및 CLDN4보다) CLDN6에 대한 선택성을 유지하였다.

도 25는, 인간 CLDN6, CLDN3, CLDN4 또는 CLDN9를 안정적으로 발현하도록 트랜스펙션된 HEK293-Trex 세포뿐 아니라, 모 HEK293-Trex 세포에 대한, 상이한 인간화 프레임워크 - H1L1(도 25a), H1L2(도 25b), H2L1(도 25c), H2L2(도 25d) 및 본래 마우스 mAb(도 25e)에서의 C6-11의 인간화 변이체의 결합을 도시한 것이다. 클론 C6-11, C6-24 및 C6-30은 CLDN9보다 CLDN6에 대한 선택성을 나타냈다. C6-30의 인간화 변이체는 각각 CLDN9보다(뿐만 아니라 CLDN3 및 CLDN4보다) CLDN6에 대한 선택성을 유지하였다.

도 26은, 인간 CLDN6, CLDN3, CLDN4 또는 CLDN9를 안정적으로 발현하도록 트랜스펙션된 HEK293-Trex 세포뿐 아니라, 모 HEK293-Trex 세포에 대한, 상이한 인간화 프레임워크 - H1L1(도 26a), H1L2(도 26b), H2L1(도 26c), H2L2(도 26d) 및 본래 마우스 mAb(도 26e)에서의 C6-24의 인간화 변이체의 결합을 도시한 것이다. 클론 C6-11, C6-24 및 C6-30은 CLDN9보다 CLDN6에 대한 선택성을 나타냈다. C6-30의 인간화 변이체는 각각 CLDN9보다(뿐만 아니라 CLDN3 및 CLDN4보다) CLDN6에 대한 선택성을 유지하였다.

도 27은, 분해(예를 들어, 탈아미드화 및 아스파르트산 이성질화) 경향성과 CLDN6 및 CLDN9에 대한 결합력을 제거하기 위해 가변 중쇄 도메인에서 치환으로 조작된 인간화 C6-30의 변이체를 도시한 것이다. XENP35093(C6-30 H1.9_L1을 가짐)은 CLDN6 결합에 대한 손실을 최소화하면서 선택성을 유지하였다.

도 28은, 인간, 시노몰구스 원숭이 및 마우스 CLDN6을 발현하는 HEK293E 세포에 대한, XENP34228(1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 C6-24_H1L1 x CD3 bsAb)(도 28a), XENP34232(2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 C6-24_H1L1 x CD3 bsAb)(도 28b), XENP34229(1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 C6-30_H1L1 x CD3 bsAb)(도 28c), XENP34233(2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 C6-30_H1L1 x CD3 bsAb)(도 28d), XENP34637(1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 C6-30_H2L1 x CD3 bsAb)(도 28e) 및 XENP34638(2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 C6-30_H2L1 x CD3 bsAb)(도 28f)의 결합을 도시한 것이다. 각각의 변이체는 이중특이적 형식에 관계없이 인간, 시노몰구스 원숭이 및 마우스 CLDN6에 대해 교차 반응성을 나타냈다.

도 29는, CLDN6, CLDN6 I143V 아이소타입, CLDN9, CLDN3 및 CLDN4를 발현하는 HEK293E 세포에 대한, XENP34228(1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 C6-24_H1L1 x CD3 bsAb)(도 29a), XENP34232(2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식의

C6-24_H1L1 x CD3 bsAb)(도 29b), XENP34229(1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 C6-30_H1L1 x CD3 bsAb)(도 29c), XENP34233(2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식의 C6-30_H1L1 x CD3 bsAb)(도 29d), XENP34637(1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 C6-30_H2L1 x CD3 bsAb)(도 29e) 및 XENP34638(2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식의 C6-30_H2L1 x CD3 bsAb)(도 29f)의 결합을 도시한 것이다. 각각의 인간화 C6-30 변이체는 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식에서 증강된 선택성을 나타낸 반면, 인간화 C6-24 변이체는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식과 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식에서 유사한 선택성을 나타냈다.

도 30은, CLDN6 또는 CLDN9를 발현하는 293 세포에 대한, 인간화 C6-30의 단일 점 돌연변이 라이브러리로부터의 변이체의 결합을 도시한 것이다. 플롯 상의 각각의 점은, 단일 용량(30 ug/ml)으로 CLDN6 및 CLDN9에 대한 결합에 대해 스크리닝된 후, MFI 값을 얻기 위해 유세포분석으로 분석된 시험 물품을 나타낸다. 더 높은 CLDN6 MFI 값과 더 낮은 CLDN9 MFI 값으로 편향된 시험 물품(산점도에서 원 안에 표시된 것들)을 추가 개발을 위해 선택하였다.

도 31a 및 도 31b는, 제1 실험(도 31a)과 제2 실험(도 31b)에서 CLDN6 또는 CLDN9를 발현하는 HEK293E 세포에 대한, 선호하는 가변 중쇄 도메인 변이체와 가변 경쇄 도메인 변이체를 조합한 라이브러리로부터의 예시적인 C6-30 변이체(2가 mAb와 관련하여)의 결합의 EC50을 도시한 것이다. XENP26863은 비교 기준인 CLDN6 결합 도메인을 기반으로 하는 2가 mAb이다. 트랜스펙션된 세포 상의 항원 밀도가 실험마다 다르기 때문에 실험의 결합 데이터를 일대일로 비교할 수 없다는 점에 유의해야 한다. 그럼에도 불구하고, 몇몇 변이체는 모 인간화 클론(즉, XENP34218_H1L1 및 XENP34220_H2L1) 및 비교 기준인 XENP26863과 비교하여 선택성이 증강되었다.

도 32는, CLDN6(도 32a) 또는 CLDN9(도 32b)를 발현하는 HEK293E 세포에 대한, 선호하는 가변 중쇄 도메인 변이체와 가변 경쇄 도메인 변이체를 조합한 라이브러리로부터의 예시적인 C6-30 변이체의 결합을 도시한 것이다.

도 33은, CLDN6 또는 CLDN9를 발현하는 HEK293E 세포에 대한, 선호하는 가변 중쇄 도메인 변이체와 가변 경쇄 도메인 변이체를 조합한 라이브러리로부터의 예시적인 C6-30 변이체(2가 mAb와 관련하여)의 결합의 EC50을 도시한 것이다. XENP26863은 비교 기준인 CLDN6 결합 도메인을 기반으로 하는 2가 mAb이다. 16개의 조합 변이체는 각각 모 인간화 클론(즉, XENP34218_H1L1 및 XENP34220_H2L1)과 비교하여 선택성이 증강되었다. 16개의 조합 변이체 중 10개는 비교 기준인 XENP26863과 비교하여 증강된 선택성을 나타냈다.

도 34는, CLDN6(도 34a) 또는 CLDN9(도 34b)를 발현하는 HEK293E 세포에 대한, 2가 단일특이적 mAb 및 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 선택된 C6-30 변이체의 결합을 도시한 것이다.

도 35는, CLDN5(도 35a), CLDN8(도 35b) 및 CLDN17(도 35c)을 발현하도록 트랜스펙션된 세포에 대한, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 C6-24_H1L1, C6-30_H1L1 및 C6-30_H2L1의 결합을 도시한 것이다. 어떠한 클론도 조사된 추가의 클라우딘에 대해 교차 반응성을 나타내지 않았다.

도 36a 내지 도 36j는, 본 발명의 몇 가지 형식을 도시한 것이다. 첫 번째 것은, 제1 항-항원 결합 도메인과 제2 항-항원 결합 도메인을 갖는 1+1 Fab-scFv-Fc 형식이다. 또한, mAb-Fv, mAb-scFv, 중앙(central)-scFv, 중앙-Fv, 1-아암 중앙-scFv, 1-아암 scFv-mAb, scFv-mAb 및 이중 scFv 형식이 모두 제시되어 있다. 도시된 모든 scFv 도메인에서, 이들은, N-말단에서 C-말단으로, 가변 중쇄-(선택적 링커)-가변 경쇄이거나, 그 반대일 수 있다. 또한, 1-아암 scFv-mAb의 경우, scFv는 중쇄 단량체의 N-말단 또는 경쇄의 N-말단에 부착될 수 있다.

도 37은, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb(CD3 High) 형식의 C6-24_H1L1, C6-30_H1L1 및 C6-30_H2L1에 의한 PA-1(CLDN6-^{high}) 세포에서의 RTCC의 유도를 도시한 것이다. 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 작제물은 1 + 1 작제물에 비해 20배 내지 100배 더 낮은 EC50을 나타냈다. 또한, 2 + 1 작제물과 1 + 1 작제물 사이의 역가 변화는 C6-30_H1L1과 비교하여 C6-30_H2L1의 경우에 약 0.5로그 이상이었다.

도 38은, CD69를 발현하는 CD8 T세포의 백분율(도 38a)과 CD107a를 발현하는 CD8 T세포의 백분율(도 38b)로 표시된 바와 같은, CD3 High를 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb 형식의 C6-24_H1L1, C6-30_H1L1 및 C6-30_H2L1에 의한 PA-1(CLDN6-^{high}) 세포의 존재 하에서의 CD8 T 세포의 활성화를 도시한 것이다.

도 39는, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30에 의한, HUTU-80(CLDN6^{high})(도 39a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex(CLDN9^{high})(도 39b)에서의 RTCC의 유도를 도시한 것이다. 2 + 1 형식이 1 + 1 형식과 비교하여 CLDN6^{+} 세

포에서 훨씬 더 강력한 RTCC 활성을 가능하게 하였다. C6-30을 기반으로 하는 bsAb는 비교 기준 bsAb인 XENP26849와 비교하여 $CLDN9^{+}$ 세포에서 훨씬 더 약한 RTCC의 유도를 나타냈다. 저친화성 CD3_High-Int#1을 갖는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb는 고친화성 CD3_High를 갖는 2 + 1 bsAb보다 표적외 $CLDN9^{+}$ 세포에서 RTCC를 덜 강력하게 유도하였다.

도 40은, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30에 의한, HUTU-80($CLDN6^{high}$)(도 40a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex($CLDN9^{high}$)(도 40b)의 존재 하에서의 CD8 T세포의 활성화를 도시한 것이다(CD107a 발현으로 표시됨).

도 41은, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb 형식의 C6-30_H1L1 또는 C6-30_H2L1에 의한, PA-1(1.1x10^6 CLDN6 밀도)(도 41a), OV-90(195K CLDN6 밀도)(도 41b), NEC-8(175K CLDN6 밀도)(도 41c) 및 COV-318(11K CLDN6 밀도)(도 41d) 세포에서의 RTCC의 유도를 도시한 것이다. 세포 사멸 활성은 CLDN6 항원 밀도 및 CD3 결합 도메인의 친화성과 상관관계가 있다.

도 42는, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb 형식의 C6-30_H1L1 또는 C6-30_H2L1에 의한, PA-1(1.1x10^6 CLDN6 밀도)(도 42a) 및 OV-90(195K CLDN6 밀도)(도 42b)에서의 RTCC 유도의 EC50을 도시한 것이다.

도 43은, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb 형식의 C6-30_H1L1 또는 C6-30_H2L1에 의한, PA-1(1.1x10^6 CLDN6 밀도)(도 43a), OV-90(195K CLDN6 밀도)(도 43b), NEC-8(175K CLDN6 밀도)(도 43c) 및 COV-318(11K CLDN6 밀도)(도 43d) 세포의 존재 하에서의 CD8 T세포의 활성화를 도시한 것이다(CD107a 발현으로 표시됨). T세포 활성화는 CLDN6 항원 밀도 및 CD3 결합 도메인의 친화성과 상관관계가 있다.

도 44는, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb 형식의 C6-30_H1L1 또는 C6-30_H2L1에 의한, PA-1(1.1x10^6 CLDN6 밀도)(도 44a), OV-90(195K CLDN6 밀도)(도 44b), NEC-8(175K CLDN6 밀도)(도 44c) 및 COV-318(11K CLDN6 밀도)(도 44d) 세포의 존재 하에서의 CD8 T세포 활성화의 EC50을 도시한 것이다(CD107a 발현으로 표시됨).

도 45는, 10:1 이펙터:표적 비에서, CD3 High-Int#1을 갖는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30 변이체에 의한, HUTU-80($CLDN6^{high}$)(도 45a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex($CLDN9^{high}$)(도 45b)에서의 RTCC의 유도를 도시한 것이다. 선택성 조작된 CLDN6 결합 도메인을 갖는 bsAb는, 모 C6-30_H1L1 및 C6-30_H2L1을 갖는 bsAb와 비교하여, $CLDN6^{+}$ 세포에서 조절된 활성 및/또는 $CLDN9^{+}$ 세포에서 조절된 활성을 나타냈다. XENP37233은, 모 클론과 비교하여, $CLDN9^{+}$ 세포에서는 유사한 활성을 나타냈지만, $CLDN6^{+}$ 세포에서는 유의하게 증강된 활성을 나타냈다. XENP37227은, 모 클론과 비교하여, $CLDN9^{+}$ 세포에서는 감소된 활성을 나타냈고, $CLDN6^{+}$ 세포에서는 증강된 활성을 나타냈다(비록, XENP37233에 덜 증강되었기는 하지만). XENP37231은, 모 클론과 비교하여, $CLDN9^{+}$ 세포에서는 활성을 나타내지 않거나 거의 나타내지 않았지만, $CLDN6^{+}$ 세포에서는 약간 감소된 활성을 나타냈다.

도 46은, 1:1 이펙터:표적 비에서, CD3 High-Int#1을 갖는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30 변이체에 의한 HUTU-80($CLDN6^{high}$)(도 46a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex($CLDN9^{high}$)(도 46b)에서의 RTCC의 유도를 도시한 것이다.

도 47은, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30에 의한, HUTU-80($CLDN6^{high}$)(도 47a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex($CLDN9^{high}$)(도 47b)의 존재 하에서의 CD8 T세포의 활성화를 도시한 것이다(CD69 발현으로 표시됨).

도 48은, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된

C6-30에 의한, HUTU-80(CLDN6^{high})(도 48a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex(CLDN9^{high})(도 48b)의 존재 하에서의 CD8 T세포의 활성화를 도시한 것이다(CD107a 발현으로 표시됨).

도 49는, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30에 의한, HUTU-80(CLDN6^{high})(도 49a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex(CLDN9^{high})(도 49b)의 존재 하에서의 T세포에 의한 IFNɣ 분비를 도시한 것이다(IFNɣ 분비로 표시됨).

도 50은, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30에 의한, HUTU-80(CLDN6^{high})(도 50a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex(CLDN9^{high})(도 50b)의 존재 하에서의 T세포에 의한 IL-2 분비를 도시한 것이다(IL-2 분비로 표시됨).

도 51은, CD3 High 또는 CD3 High-Int#1을 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc bsAb로 구성된 C6-30에 의한, HUTU-80(CLDN6^{high})(도 51a) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex(CLDN9^{high})(도 51b)의 존재 하에서의 T세포에 의한 TNFα 분비를 도시한 것이다(TNFα 분비로 표시됨).

도 52a 내지 도 52h는, XENP37227(C6-30_H1.9_L1.187)(도 52a), XENP37228(C6-30_H1.19_L1.187)(도 52b), XENP37229(C6-30_H1.22_L1.187)(도 52c), XENP37230(C6-30_H1.22_L1.189)(도 52d), XENP37231(C6-30_H1.24_L1.187)(도 52e), XENP37232(C6-30_H1.24_L1.189)(도 52f), XENP37233(C6-30_H2.91_L1.187)(도 52g) 및 XENP35386(C6-30_H1L1)(도 52h)(이들은 각각 CD3 High-Int#1을 갖는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 이중특이적 항체임)에 의한, HUTU-80(CLDN6^{high}) 및 CLDN9를 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 CLDN293-Trex(CLDN9^{high})에서의 RTCC 유도의 오버레이(overlay)를 보여준다. 각각의 bsAb는 CLDN9^{+} 세포의 사멸을 회피하면서 CLDN6^{+} 세포의 효과적인 사멸을 달성하기 위해 고농도로 투여될 수 있다.

도 53은, 1:1 이펙터:표적 비에서 XENP37233, XENP37227, XENP37231 및 XENP37630에 의한 PA-1(CLDN6^{high}) 세포에서의 RTCC(EC50 값 포함)의 유도(도 53a)뿐 아니라, CD25 발현(도 53b) 및 CD107a 발현(도 53c)으로 표시되는 CD8^{+} T세포 활성화를 도시한 것이다.

도 54는, 밀도 의존적 방식으로 CLDN6을 발현하는 세포에 결합하는 XENP37541의 능력을 도시한 것이다. PA-1 세포를 다양한 CLDN6 항원 밀도를 안정적으로 발현하도록 조작하였다. XENP37541을 다양한 용량에서 세포와 함께 인큐베이션하였다. 세포를 세척하고, 2차 항체로 염색하고, 다시 세척한 후, 유세포분석을 사용하여 분석하였다. XENP37541은 세포당 47k CLDN6 항원에 이르는 수준까지의 낮은 수준의 CLDN6 발현으로 세포와 결합할 수 있었다.

도 55는, 다양한 CLDN6 항원 수준(도면의 EC50 차트에 주석으로 표시되어 있음)을 발현하도록 조작된 PA-1 세포에서의 RTCC의 유도를 도시한 것이다. RTCC를 측정하기 전, 1:1 이펙터:표적 세포 비와 72시간 인큐베이션을 사용하였다. 결과는, XENP37541, XENP37634 및 XENP37545가 모두 CLDN6 밀도 의존적 방식으로 RTCC를 유도할 수 있었지만, 음성 대조군인 RSV x CD3 bsAb XENP32140은 그렇지 않았음을 보여준다. XENP37541은, 모든 상이한 CLDN6 발현 수준에 걸쳐 가장 강력한 효능과 가장 낮은 EC50 값을 나타냈다.

도 56은, PBS와, 0.3 mg/kg, 1.0 mg/kg 또는 3.0 mg/kg의 XENP37233, XENP37227, XENP37630 또는 XENP37231이 투여된 PA-1 및 huPBMC 이식된 NSG 마우스에서의, (0일차 첫 번째 투여 후) 시간 경과에 따른(도 56a), 14일차(도 56b) 및 20일차(도 56c)의 종양 부피의 변화(캘리퍼 측정으로 결정됨)를 도시한 것이다. *는 PBS 군과 비교한 $p< 0.05$를 나타낸다(통계 분석은 맨-휘트니(Mann-Whitney) 검정을 사용하여 기준선 보정된 종양 부피에 대해 수행하였음). 14일차까지, 각각의 이중특이적 항체는 PBS 대조군에 비해 항종양 활성을 증강시켰다.

도 57은, XENP37541(도 57a), XENP37545(도 57b), XENP37547(도 57c) 및 XENP37634(도 57d) 각각에 대한 약동학에서 관찰된 용량 반응을 도시한 것이다.

도 58은, 60배 용량 후 XENP37541, XENP37545, XENP37547 및 XENP37634 각각에 대한 혈중 농도의 오버레이를 도시한 것이다.

도 59a 및 도 59b는, CD3 High-Int #2 scFv(VHVL 배향 또는 VLVH 배향의 H1.89_L1.47)를 포함하는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 예시적인 αCLDN6 x αCD3 bsAb에 대한 서열을 도시한 것이다. CDR에는 밑줄이 그어져 있고, 슬래시는 가변 영역과 다른 사슬 구성요소(예를 들어, 불변 영역 및 도메인 링커) 사이의 경계(들)를 나타낸다. αCLDN6 x αCD3 bsAb가 가변 영역, Fc 영역, 및 (본원에 정의된 바와) 90%, 95%, 98% 및 99% 동일하고/하거나 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 치환을 함유하는 불변 도메인 서열을 이용할 수 있다는 점에 유의해야 한다. 또한, 본원에 개괄된 각각의 서열은 한쪽 또는 바람직하게는 양쪽 Fc 도메인에 M428L/N434S 변이체를 포함하거나 배제할 수 있으며, 이는 혈청 내 반감기를 연장시킨다.

도 60a 및 도 60b는, 비교 기준인 CLDN6 결합 도메인 Comp_CHO02를 포함하는 서열을 도시한 것이다. XENP37217은 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 이러한 비교 기준인 CLDN6 결합 도메인을 포함하고, XENP38084는 2가 항체 형식의 결합 도메인을 포함한다.

도 61a 내지 도 61c는, 다른 클라우딘 패밀리 구성원 CLDN3, CLDN4, CLDN8 및 CLDN17에 대한 C6-30 변이체의 결합뿐 아니라, 비교 기준 CLDN6 x CD3 bsAb인 XENP37217의 결합을 도시한 것이다. 293 세포를 CLDN3, CLDN4, CLDN8 또는 CLDN17을 발현하도록 일시적으로 트랜스펙션시켰다. 세포를 플레이팅하고, 각각의 시험 물품을 각각의 세포주에 100 μg/ml 용량으로 첨가하였다. 4℃에서 1시간 인큐베이션 후, 세포를 세척하고, 2차 AF647 항체를 첨가하였다. 세포를 4℃에서 추가 1시간 동안 인큐베이션한 후, 추가로 세척하고, 유세포분석을 수행하였다. 비교 기준 분자인 XENP37217은, 임의의 C6-30 변이체보다 CLDN8 및 CLDN17에 대해 유의하게 더 높은 결합을 나타냈다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0039] 본 발명은 인간 CD3ε과 인간 CLDN6에 결합하는 이종이량체성 이중특이적 항체를 제공한다.

[0040] I. 개요

[0041] CD3과 종양 항원 표적에 공동으로 결합하는 항-이중특이적 항체는 표적화된 종양세포를 공격하고 용해시키도록 T세포를 재지시하는 데 사용된다. 예에는, CD3과 종양 항원에 1가로 결합하는 BiTE® 및 DART 형식이 포함된다. CD3 표적화 접근법은 상당한 가능성을 보여주었지만, 이러한 요법의 일반적인 부작용은 사이토카인의 생산과 관련이 있으며, 종종 독성 사이토카인 방출 증후군으로 이어진다. 이중특이적 항체의 항-CD3 결합 도메인은 모든 T세포와 결합하기 때문에, 높은 사이토카인 생성 CD4 T세포 서브세트가 동원된다. 나아가, CD4 T세포 서브세트는 조절 T세포를 포함하며, 이의 동원 및 확장은 잠재적으로 면역억제로 이어질 수 있고, 장기 종양 억제에 부정적인 영향을 미칠 수 있다. 또한, 이러한 형식은Fc 도메인을 함유하지 않고, 환자에서 매우 짧은 혈청 반감기를 나타낸다.

[0042] 신규한 항-CD3 x 항-CLDN6(항-CLDN6 x 항-CD3, αCD3 x αCLDN6, αCLDN6 x αCD3으로, 또는 때때로 CLDN6 X CD3으로도 지칭됨) 이종이량체성 이중특이적 항체, 및 암의 치료를 위해 이러한 항체를 사용하는 방법이 본원에 제공된다. 특히, 다양한 형식의 항-CD3, 항-CLDN6 이중특이적 항체가 본원에 제공된다. 이러한 이중특이적 항체는, 특히 신세포암종과 같이 CLDN6 발현이 증가된 암의 치료에 유용하다. 이러한 항체는 CD3+ 이펙터 T세포를 CLDN6+ 종양으로 유도하여, CD3+ 이펙터 T세포가 CLDN6+ 종양을 공격하고 용해시키도록 하는 데 사용된다.

[0043] 또한, 본 발명의 이중특이적 항체는 추가로 CLDN6과 CLDN 패밀리의 다른 구성원을 구별한다. CLDN6은 암에서 발현되지만, CLDN9는 건강한 조직(예를 들어, 자궁경부 및 식도)에서 더 고도로 발현되기 때문에, CLDN6 치료제와 CLDN9의 교차 반응성은 표적외 독성을 유발할 수 있다. 하지만, CLDN6은 CLDN9와 96% 동일하고 세포외 루프에서 3개의 잔기만 상이하기 때문에(도 12에 도시된 바와 같음); CLDN9보다 CLDN6에 선택적으로 결합할 수 있을 뿐 아니라, CLDN3 및 CLDN4를 포함하는 CLDN 패밀리의 다른 구성원보다 우선적으로 CLDN6에 결합하는 CLDN6 항원 결합 도메인(ABD)의 선택성을 나타내는 항체를 개발하는 것은 중요한 과제이다. 따라서, CLDN9보다 CLDN6에 우선적으로 결합하는 항체 및/또는 항원 결합 도메인뿐 아니라, 항-CLDN6 X 항-CD3 이중특이적 항체 내 이러한 ABD가 본 발명에 포함된다.

[0044] 또한, 일부 구현예에서, 본 개시내용은 항-CD3 요법의 잠재적인 부작용을 변경시키거나 감소시킬 수 있는, 인간 CD3에 대해 상이한 결합 친화성을 갖는 이중특이적 항체를 제공한다. 즉, 일부 구현예에서, 본원에 기재된 항체는 CD3에 대한 "강력한" 또는 "고친화성" 결합제이며(예를 들어, 하나의 예는 H1.30_L1.47로 도시된 바와 같은 중쇄 및 경쇄 가변 도메인임(선택적으로, 적절한 경우 하전된 링커를 포함함)), CLDN6에도 결합하는 항-CD3 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 구조체를 제공한다. 다른 구현예에서, 본원에 기재된 항체는 CD3에 대한 "

약한" 또는 "저친화성" 결합제인 항-CD3 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 구조체를 제공한다. 추가의 구현예는 CD3에 대해 중급의 또는 "중간" 친화성을 갖고 CLDN6에도 결합하는 항-CD3 항원 결합 도메인을 포함하는 항체 구조체를 제공한다. 매우 다수의 항-CD3 항원 결합 도메인(ABD)이 사용될 수 있지만, 특히 유용한 구현예는 6개의 상이한 항-CD3 ABD를 사용하며, 본원에 논의된 바와 같은 2가지 scFv 배향으로 사용될 수 있다. 친화성은 일반적으로 Biacore 검정을 사용하여 측정된다.

[0045] 본원에 제공된 "high, medium, low(높은, 중간, 낮은)" 항-CD3 서열은 본원에 논의된 바와 같은 다양한 이종이량체화 형식으로 사용될 수 있음을 이해해야 한다. 일반적으로, T세포 동원의 잠재적인 부작용으로 인해, 예시적인 구현예는 도 17a 및 도 17b에 도시된 바와 같이 본원에 도시된 형식으로 CD3에 1가로만 결합하는 형식을 이용하며, 본원에 보다 충분히 기재된 바와 같이 scFv인 것이 CD3 ABD이다. 대조적으로, 대상 이중특이적 항체는 CLDN6에 1가(예를 들어, 도 17a) 또는 2가(예를 들어, 도 17b)로 결합할 수 있다.

[0046] 이러한 CLDN6 결합 도메인을 갖는 항체(예를 들어, CLDN6 x CD3 이중특이적 항체)를 포함하여, CLDN6 결합 도메인을 포함하는 조성물이 본원에 제공된다. 이러한 CLDN6 결합 도메인을 포함하는 대상 항체는, 유리하게는 사용되는 특정 CLDN6 결합 도메인에 따라, 다양한 상이한 면역 반응을 이끌어낸다. 예를 들어, 대상 항체는 CLDN6 발현이 상이한 세포에 대한 선택성, CLDN6 발현 세포에 대한 역가, 사이토카인 방출을 이끌어내는 능력, 및 가용성 CLDN6에 대한 민감성의 차이를 나타낸다. 이러한 CLDN6 결합 도메인 및 관련 항체는, 예를 들어 CLDN6 관련 암의 치료에 사용된다.

[0047] 따라서, 하나의 양태에서, 2가지 상이한 항원에 결합하는, 예를 들어 항체가 2가지 상이한 표적 항원, 일반적으로 본원에 기재된 바와 같은 CLDN6 및 CD3에 결합한다는 점에서 "이중특이적"인 이종이량체 항체가 본원에 제공된다. 이러한 이종이량체 항체는 이러한 표적 항원에 1가(예를 들어, 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인의 쌍과 같은 단일 항원 결합 도메인이 존재함) 또는 2가(항원에 각각 독립적으로 결합하는 2개의 항원 결합 도메인이 존재함)로 결합할 수 있다. 일부 구현예에서, 본원에 제공된 이종이량체 항체는 하나의 CD3 결합 도메인과 하나의 CLDN6 결합 도메인을 포함한다(예를 들어, 본원에 기재된 "1 + 1 Fab-scFv-Fc" 형식의 이종이량체 항체). 다른 구현예에서, 본원에 제공된 이종이량체 항체는 하나의 CD3 결합 도메인과 2개의 CLDN6 결합 도메인을 포함한다(예를 들어, 본원에 기재된 "2 + 1 Fab2-scFv-Fc" 형식의 이종이량체 항체). 본원에 제공된 이종이량체 항체는, 하기에 유사하게 개괄되는 바와 같이 동종이량체로부터 이종이량체의 간단한 정제를 가능하게 하는 "pI 변이체"와 결합된, 하기에 보다 상세하게 개괄되는 바와 같이 동종이량체보다 이종이량체의 형성으로 "편향되게 하는" 아미노산 치환을 함유하는 상이한 단량체를 사용하는 것을 기반으로 한다. 본원에 제공된 이종이량체성 이중특이적 항체는 일반적으로 이종이량체 단백질을 생산하기 위해 생산 세포에서 자가 조립될 수 있는 조작된 또는 변이형 Fc 도메인의 사용, 및 이러한 이종이량체 단백질을 생성 및 정제하는 방법에 따라 달라진다.

[0048] II. 명명법

[0049] 본원에 제공된 항체는 몇 가지 상이한 형식으로 열거되어 있다. 일부 예에서, 특정 항체의 각 단량체는 고유한 "XENP" 번호로 제시되지만, 당업계에서 이해되는 바와 같이, 더 긴 서열은 더 짧은 것을 함유할 수 있다. 예를 들어, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식 항체의 "scFv-Fc" 단량체는 첫 번째 XENP 번호를 가질 수 있지만, scFv 도메인 자체는 상이한 XENP 번호를 가질 것이다. 일부 분자는 3개의 폴리펩타이드를 갖기 때문에, 구성요소와 함께 XENP 번호가 명칭으로 사용된다. 따라서, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식인 분자 XENP37630은 3개의 서열(도 59a 참조), 1) "Fab-Fc 중쇄" 단량체("사슬 1"); 2) "Fab-scFv-Fc 중쇄" 단량체("사슬 2"); 및 3) "경쇄" 단량체("사슬 3") 또는 등가물을 포함하지만, 당업자는 서열 정렬을 통해 이들을 용이하게 식별할 수 있을 것이다. 이러한 XENP 번호는 서열목록 및 식별자에 제시되어 있으며, 이는 도면에서 사용된다. 또한, 3개의 구성요소를 포함하는 하나의 분자는 다수의 서열 식별자를 생성시킨다. 예를 들어, Fab의 목록은, 전장 중쇄 서열, 가변 중쇄 도메인 서열 및 가변 중쇄 도메인 서열의 3개의 CDR, 전장 경쇄 서열, 가변 경쇄 도메인 서열 및 가변 경쇄 도메인 서열의 3개의 CDR을 포함한다. Fab-scFv-Fc 단량체는 전장 서열, 가변 중쇄 도메인 서열, 3개의 중쇄 CDR 서열 및 scFv 서열(scFv 가변 중쇄 도메인 서열, scFv 가변 경쇄 도메인 서열 및 scFv 링커를 포함함)을 포함한다. scFv 도메인을 갖는 본원의 일부 분자는 단일 하전된 scFv 링커(+H)를 사용하지만, 다른 것들이 사용될 수도 있다는 점에 유의해야 한다. 또한, 특정 항원 결합 도메인(예를 들어, CLDN6 결합 도메인 및 CD3 결합 도메인)의 명명법은 "Hx.xx_Ly.yy" 유형의 형식을 사용하며, 여기서 숫자는 특정 가변 사슬 서열에 대한 고유한 식별자이다. 따라서, 항원 결합 도메인의 Fv 도메인은 "H1 L1"이며, 이는, 가변 중쇄 도메인 H1이 경쇄 도메인 L1과 조합되어 있음을 나타낸다. 이러한 서열이 scFv로 사용되는 경우, "H1 L1"이라는 지정은, 가변 중쇄 도메

인 H1이 경쇄 도메인 L1과 조합되어 있고, N-말단에서 C-말단으로, VH-링커-VL 배향으로 존재함을 나타낸다. 중쇄 및 경쇄 가변 도메인의 서열이 동일하지만, 역순(N-말단에서 C-말단으로, VL-링커-VH 배향)인 이러한 분자는 "L1_H1.1"로 지정될 수 있다. 유사하게, 상이한 구조체는 서열목록 및 도면으로부터 명백해지는 바와 같이 중쇄와 경쇄를 "혼합 및 매칭"할 수 있다.

[0050] 또한, 본 발명의 이중특이적 항체는 "항-CD3 x 항-CLDN6", "αCD3 x αCLDN6", "αCLDN6 x αCD3" 또는 때때로 "CLDN6 X CD3"로 본원에서 지칭된다. scFv로 이용되는 대부분의 형식이 scFv로 항-CD3 ABD를 갖지만, 항원의 순서는 하기 논의되는 바와 같이 결정적이지 않다.

[0051] III. 정의

[0052] 본 출원을 보다 완벽하게 이해할 수 있도록 하기 위해, 몇 가지 정의가 하기에 제시된다. 이러한 정의는 문법적 등가물을 포함하는 것으로 의도된다.

[0053] 본원에서 "CLDN6"은, 클라우딘 패밀리에 속하는 단백질을 의미한다. CLDN6 서열은, 예를 들어 도 11에 도시되어 있다. 본 발명의 ABD는 인간 CLDN6에 결합한다.

[0054] 본원에서 "절제"란 활성의 감소 또는 제거를 의미한다. 따라서, 예를 들어 "FcγR 결합의 절제"는, Fc 영역 아미노산 변이체가 이러한 특정 변이체를 함유하지 않는 Fc 영역과 비교하여 50% 미만의 출발 결합을 갖는 것을 의미하며, 이때 70-80-90-95-98% 초과의 활성 손실이 바람직하고, 일반적으로 상기 활성은 Biacore, SPR 또는 BLI 검정에서 검출 가능한 결합 수준 미만이다. 특히 FcγR 결합의 절제에 사용되는 것은 도 3에 제시된 것들이며, 이는 일반적으로 2개의 단량체에 모두 첨가된다.

[0055] 본원에 사용된 "ADCC" 또는 "항체 의존적 세포 매개 세포독성"이란, FcγR을 발현하는 비특이적 세포독성 세포가 표적세포 상의 결합된 항체를 인식하고, 이어서 표적세포의 용해를 유발하는 세포 매개 반응을 의미한다. ADCC는 FcγRIIIa에 대한 결합과 상관관계가 있고, FcγRIIIa에 대한 결합 증가는 ADCC 활성을 증가시킨다.

[0056] 본원에 사용된 "ADCP" 또는 항체 의존적 세포 매개 포식작용(phagocytosis)이란, FcγR을 발현하는 비특이적 포식세포가 표적세포 상의 결합된 항체를 인식하고, 이어서 표적세포의 포식작용을 유발하는 세포 매개 반응을 의미한다.

[0057] 본원에 사용된 바와 같이, "항체"라는 용어가 일반적으로 사용된다. 본원에 기재된 항체는 전형적인 항체뿐 아니라, 본원에 기재된 다수의 이중특이적 형식을 포함하는 항체 유도체, 단편 및 모방체를 포함하여 본원에 기재된 바와 같은 다수의 형식을 취할 수 있다.

[0058] 전형적인 면역글로불린(Ig) 항체는 "Y" 모양의 사량체이다. 각각의 사량체는 전형적으로 2개의 동일한 폴리펩타이드 사슬의 쌍으로 구성되어 있으며, 각각의 쌍은 하나의 "경쇄" 단량체(전형적으로 분자량이 약 25 kDa임)와 하나의 "중쇄" 단량체(전형적으로 분자량이 약 50 kDa 내지 70 kDa임)를 갖는다.

[0059] 다른 유용한 항체 형식에는, 비제한적으로, 본원에 기재된 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식 및 2 + 1 Fab-scFv-Fc 항체 형식뿐 아니라, 하기 논의되는 바와 같은 "mAb-Fv", "mAb-scFv", "중앙-Fv", "1-아암 scFv-mAb", "scFv-mAb", "이중 scFv" 및 "트라이던트(trident)" 형식 항체가 포함된다.

[0060] 항체 중쇄는 전형적으로 vhCDR1-3을 포함하는 가변 중쇄(VH) 도메인과, CH2-CH3 단량체를 포함하는 Fc 도메인을 포함한다. 일부 구현예에서, 항체 중쇄는 힌지와 CH1 도메인을 포함한다. 전형적인 항체 중쇄는, N-말단에서 C-말단으로, VH-CH1-힌지-CH2-CH3으로 구성된 단량체이다. CH1-힌지-CH2-CH3은 종합적으로 항체의 중쇄 "불변 도메인" 또는 "불변 영역"으로 지칭되며, 이에는 5개의 상이한 카테고리 또는 "아이소타입"인 IgA, IgD, IgG, IgE 및 IgM이 존재한다. 따라서, 본원에 사용된 "아이소타입"은 이들의 불변 영역의 화학적 및 항원적 특징에 의해 정의된 면역글로불린의 임의의 서브클래스를 의미한다. 치료용 항체가 아이소타입 및/또는 서브클래스의 혼성체를 또한 포함할 수 있다는 것을 이해해야 한다. 예를 들어, 미국 특허출원공개 제2009/0163699호(본원에 참조로서 인용됨)에 제시된 바와 같이, 본원에 기재된 항체는 인간 IgG1/G2 혼성체의 사용을 포함한다.

[0061] 일부 구현예에서, 본원에 제공된 항체는 IgG 아이소타입 불변 도메인을 포함하며, 이는, 비제한적으로, IgG1, IgG2, IgG3 및 IgG4를 포함하는 몇 가지 서브클래스를 갖는다. 면역글로불린의 IgG 서브클래스에는, 중쇄에 몇 가지 면역글로불린 도메인이 존재한다. 본원에서 "면역글로불린(Ig) 도메인"이란, 별개의 3차 구조를 갖는 면역글로불린의 영역을 의미한다. 본원에 기재된 항체에서 관심있는 것은 불변 중쇄(CH) 도메인 및 힌지 도메인을 포함하는 중쇄 도메인이다. IgG 항체의 맥락에서, IgG 아이소타입은 각각 3개의 CH 영역을 갖는다. 따라서, IgG의 맥락에서 "CH" 도메인은 다음과 같다: "CH1"은 Kabat에서와 같이 EU 인덱스에 따라 118번 내지

220번 위치를 나타낸다. "CH2"는 Kabat에서와 같이 EU 인덱스에 따라 237번 내지 340번 위치를 나타내고, "CH3"은 Kabat에서와 같이 EU 인덱스에 따라 341번 내지 447번 위치를 나타낸다. 본원에 제시되고 하기에 기재되는 바와 같이, pI 변이체는 하기 논의되는 힌지 영역뿐 아니라 하나 이상의 CH 영역에 있을 수 있다.

[0062] IgG1이 356(D 또는 E) 및 358(L 또는 M)에서 다형성을 갖는 상이한 알로타입을 갖는다는 점에 유의해야 한다. 본원에 도시된 서열은 356D/358M 알로타입을 사용하지만, 다른 알로타입도 본원에 포함된다. 즉, 본원에 포함된 IgG1 Fc 도메인을 포함하는 임의의 서열은 356D/358M 알로타입 대신 356E/358L을 가질 수 있다. 치료용 항체가 아이소타입 및/또는 서브클래스의 혼성체를 또한 포함할 수 있다는 것을 이해해야 한다. 예를 들어, 미국 특허출원공개 제2009/0163699호(본원에 참조로서 인용됨)에 제시된 바와 같이, 본 발명의 항체는, 일부 구현예에서, IgG1/IgG2 혼성체를 포함한다.

[0063] 본원에 사용된 "Fc" 또는 "Fc 영역" 또는 "Fc 도메인"이란, 항체의 불변 영역을 포함하는, 일부 경우에는 제1 불변 영역 면역글로불린 도메인(예를 들어, CH1)의 전부 또는 이의 일부를 제외한, 일부 경우에는 선택적으로 힌지의 전부 또는 일부를 포함하는 폴리펩타이드를 의미한다. IgG의 경우, Fc 도메인은 면역글로불린 도메인 CH2 및 CH3(Cγ2 및 Cγ3), 및 선택적으로 CH1(Cγ1)과 CH2(Cγ2) 사이의 힌지 영역의 전부 또는 일부를 포함한다. 따라서, 일부 경우에, Fc 도메인은, N-말단에서 C-말단으로, CH2-CH3 및 힌지-CH2-CH3을 포함한다. 일부 구현예에서, Fc 도메인은 인간 IgG1, IgG2, IgG3 또는 IgG4에서 유래된 것이며, 여기서 인간 IgG1 힌지-CH2-CH3 및 IgG4 힌지-CH2-CH3이 특히 다수의 구현예에서 사용된다. 또한, 인간 IgG1 Fc 도메인의 경우, 흔히 힌지는 C220S 아미노산 치환을 포함한다. 나아가, 인간 IgG4 Fc 도메인의 경우, 흔히 힌지는 S228P 아미노산 치환을 포함한다. Fc 영역의 경계는 달라질 수 있지만, 인간 IgG 중쇄 Fc 영역은 통상적으로 이의 카르복실 말단에 잔기 E216, C226 또는 A231을 포함하는 것으로 정의되며, 여기서 넘버링은 Kabat에서와 같이 EU 인덱스에 따른다. 일부 구현예에서, 하기에 보다 충분히 기재되는 바와 같이, 예를 들어 하나 이상의 FcγR 또는 FcRn에 대한 결합을 변경시키기 위해 Fc 영역에 대한 아미노산 변형이 이루어진다.

[0064] 본원에서 "중쇄 불변 영역"이란, 가변 중쇄 도메인을 배제한 항체(또는 이의 단편)의 CH1-힌지-CH2-CH3 부분을 의미하며; 인간 IgG1의 EU 넘버링에서, 이는 118번 내지 447번 아미노산이다. 본원에서 "중쇄 불변 영역 단편"이란, N-말단 및 C-말단 중 하나 또는 둘 모두로부터 더 적은 아미노산을 함유하지만, 여전히 또 다른 중쇄 불변 영역과 이량체를 형성할 수 있는 능력을 보유하는 중쇄 불변 영역을 의미한다.

[0065] 중쇄의 또 다른 유형의 Ig 도메인은 힌지 영역이다. 본원에서 "힌지" 또는 "힌지 영역" 또는 "항체 힌지 영역" 또는 "힌지 도메인"이란, 항체의 제1 불변 도메인과 제2 불변 도메인 사이에 아미노산을 포함하는 가요성 폴리펩타이드를 의미한다. 구조적으로, IgG CH1 도메인은 EU 215번 위치에서 종결되고, IgG CH2 도메인은 EU 231번 위치 잔기에서 시작된다. 따라서, IgG의 경우, 항체 힌지는 본원에서 216번(IgG1에서 E216) 내지 230번(IgG1에서 p230) 위치를 포함하도록 정의되며, 여기서 넘버링은 Kabat에서와 같이 EU 인덱스에 따른다. 일부 경우에, 힌지 도메인의 N-말단 및 C-말단 중 어느 하나 또는 둘 모두에 더 적은 아미노산을 함유하는 "힌지 단편"이 사용된다. 본원에 언급된 바와 같이, pI 변이체는 또한 힌지 영역에 만들어질 수 있다. 본원의 다수의 항체는 EU 넘버링에 따른 220번 위치(힌지 영역)에서 적어도 하나의 시스테인이 세린으로 대체되어 있다. 일반적으로, 이러한 변형은 본원에 도시된 서열의 대부분의 경우 "scFv 단량체" 측에 있지만, 이는 또한 디설파이드 형성을 감소시키도록 "Fab 단량체" 측 또는 양측에 있을 수 있다. 대체된 이러한 시스테인(C220S) 중 하나 또는 둘 모두가 특히 본원의 서열 내에 포함되어 있다.

[0066] 당업자가 이해하는 바와 같이, 중쇄 불변 영역 도메인의 정확한 넘버링 및 배치는 상이한 넘버링 시스템들 간에 상이할 수 있다. EU 및 Kabat에 따른 중쇄 불변 영역 넘버링의 유용한 비교는 문헌[Edelman et al., 1969, Proc Natl Acad Sci USA 63:78-85], 및 문헌[Kabat et al., 1991, Sequences of Proteins of Immunological Interest, 5th Ed., United States Public Health Service, National Institutes of Health, Bethesda](이들은 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)을 참조한다.

[0067] [표 1]

	EU 넘버링	**Kabat 넘버링**
CH1	118-215	114-223
힌지	216-230	226-243
CH2	231-340	244-360
CH3	341-447	361-478

[0068]

[0069] 항체 경쇄는 일반적으로 2개의 도메인, 즉 경쇄 CDR vlCDR1-3을 포함하는 가변 경쇄 도메인(VL)과 불변 경쇄 영역(종종 CL 또는 Cκ로 지칭됨)을 포함한다. 항체 경쇄는 전형적으로, N-말단에서 C-말단으로, VL-CL로 구성되어 있다.

[0070] 본원에서 "항원 결합 도메인" 또는 "ABD"란, 폴리펩타이드 서열의 일부로 존재할 때, 본원에 논의된 바와 같이 표적 항원(예를 들어, CLDN6 또는 CD3)에 특이적으로 결합하는 6개 상보성 결정 영역(CDR)의 세트를 의미한다. 당업계에 공지된 바와 같이, 이러한 CDR은 일반적으로, 각각이 3개의 CDR(가변 중쇄 CDR의 경우 vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, 및 가변 경쇄 CDR의 경우 vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3 vhCDR3)을 포함하는, 제1 가변 중쇄 CDR 세트(vhCDR 또는 VHCDR) 및 제2 가변 경쇄 CDR 세트(vlCDR 또는 VLCDR)로 존재한다. CDR은 가변 중쇄 도메인(vhCDR1-3)과 가변 경쇄 도메인(vlCDR1-3)에 존재한다. 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인은 Fv 영역을 형성한다.

[0071] 본원에 기재된 항체는 다수의 상이한 CDR 세트를 제공한다. 이러한 경우, "완전 CDR 세트"는 3개의 가변 경쇄 CDR과 3개의 가변 중쇄 CDR, 예를 들어 vlCDR1, vlCDR2, vlCDR3, vhCDR1, vhCDR2 및 vhCDR3을 포함한다. 이들은 각각 더 큰 가변 경쇄 도메인 또는 가변 중쇄 도메인의 일부일 수 있다. 또한, 본원에 보다 충분히 개괄된 바와 같이, 가변 중쇄 도메인 및 가변 경쇄 도메인은 중쇄 및 경쇄가 사용되는 경우(예를 들어, Fab이 사용되는 경우) 별개의 폴리펩타이드 사슬에 존재하거나, scFv 서열의 경우에는 단일 폴리펩타이드 사슬에 존재할 수 있다.

[0072] 당업자가 이해하는 바와 같이, CDR의 정확한 넘버링 및 배치는 상이한 넘버링 시스템들 간에 상이할 수 있다. 하지만, 가변 중쇄 서열 및/또는 가변 경쇄 서열의 개시내용이 관련된(고유한) CDR의 개시내용을 포함한다는 것을 이해해야 한다. 따라서, 각각의 가변 중쇄 영역의 개시내용은 vhCDR(예를 들어, vhCDR1, vhCDR2 및 vhCDR3)의 개시내용이며, 각각의 가변 경쇄 영역의 개시내용은 vlCDR(예를 들어, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)의 개시내용이다. CDR 넘버링의 유용한 비교는 문헌[*Lafranc et al., Dev. Comp. Immunol.* 27(1):55-77 (2003)]를 참조한다.

[0073] [표 2]

	Kabat+ Chothia	IMGT	Kabat	AbM	Chothia	Contact	Xencor
vhCDR1	26-35	27-38	31-35	26-35	26-32	30-35	27-35
vhCDR2	50-65	56-65	50-65	50-58	52-56	47-58	54-61
vhCDR3	95-102	105-117	95-102	95-102	95-102	93-101	103-116
vlCDR1	24-34	27-38	24-34	24-34	24-34	30-36	27-38
vlCDR2	50-56	56-65	50-56	50-56	50-56	46-55	56-62
vlCDR3	89-97	105-117	89-97	89-97	89-97	89-96	97-105

[0074]

[0075] 본 명세서 전반에 걸쳐, Kabat 넘버링 시스템은 일반적으로 가변 도메인의 잔기(대략, 경쇄 가변 영역의 1번 내지 107번 잔기 및 중쇄 가변 영역의 1번 내지 113번 잔기)를 언급할 때 사용되고, EU 넘버링 시스템은 Fc 영역의 경우에 사용된다(예를 들어, 상기 Kabat 등의 문헌(1991) 참조).

[0076] CDR은 항원 결합, 또는 보다 구체적으로, 항원 결합 도메인 및 항체의 에피토프 결합 부위의 형성에 기여한다. "에피토프"는 파라토프로 공지된 항체 분자의 가변 영역 내 특정 항원 결합 부위와 상호작용하는 결정기(determinant)를 나타낸다. 에피토프는 아미노산 또는 당 측쇄와 같은 분자의 그룹이며, 통상적으로 특정한 구조 특징 및 특정한 전하 특징을 갖는다. 단일 항원은 하나 초과의 에피토프를 가질 수 있다.

[0077] 에피토프는 결합에 직접 관여하는 아미노산 잔기(에피토프의 면역우세 구성요소로도 불림) 및 결합에 직접 관여하지 않는 다른 아미노산 잔기, 예컨대 특이적인 항원 결합 펩타이드에 의해 효과적으로 차단되는 아미노산 잔기(즉, 이러한 아미노산 잔기는 특이적인 항원 결합 펩타이드의 풋프린트(footprint) 내에 있음)를 포함할 수 있다.

[0078] 에피토프는 입체구조 또는 선형일 수 있다. 입체구조 에피토프는 선형 폴리펩타이드 사슬의 상이한 분절로부터 공간적으로 병치된 아미노산에 의해 생성된다. 선형 에피토프는 폴리펩타이드 사슬의 인접한 아미노산 잔기에 의해 생성된 것이다. 입체구조 및 비입체구조 에피토프는, 변성 용매의 존재 하에서 비입체구조 에피토프에 대한 결합이 아닌 입체구조 에피토프에 대한 결합이 손실된다는 점에서 구별될 수 있다.

[0079] 에피토프는 전형적으로 고유한 공간 입체구조에서 적어도 3개, 보다 일반적으로 적어도 5개, 또는 8개 내지 10개의 아미노산을 포함한다. 동일한 에피토프를 인식하는 항체는 단순한 면역검정으로 입증될 수 있는데, 이는 표적 항원에 대한 또 다른 항체의 결합을 차단하는 하나의 항체의 능력, 예를 들어 "비닝(binning)"을 보여준다. 하기에 개괄되는 바와 같이, 본 개시내용은 본원에 열거된 항원 결합 도메인 및 항체를 포함할 뿐 아니라, 열거된 항원 결합 도메인에 의해 결합된 에피토프와의 결합에서 경쟁하는 것들을 포함한다.

[0080] 일부 구현예에서, 항원 결합 도메인의 6개의 CDR은 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인에 의해 제공된다. "Fab" 형식에서, 6개 CDR의 세트는 2개의 상이한 폴리펩타이드 서열, 가변 중쇄 도메인(vh 또는 VH; vhCDR1, vhCDR2 및 vhCDR3을 함유함) 및 가변 경쇄 도메인(vl 또는 VL; vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3을 함유함)에 의해 제공되며, 여기서 vh 도메인의 C-말단은 중쇄의 CH1 도메인의 N-말단에 부착되어 있고, vl 도메인의 C-말단은 불변 경쇄 도메인의 N-말단에 부착되어 있다(따라서 경쇄를 형성함). scFv 형식에서, vh 도메인과 vl 도메인은 일반적으로 본원에 개괄된 바와 같은 링커("scFv 링커")의 사용을 통해 단일 폴리펩타이드 서열에 공유결합으로 부착되어 있고, 이는 (N-말단에서 시작하여) vh-링커-vl 또는 vl-링커-vh일 수 있으며, 일반적으로 전자가 바람직하다(사용된 형식에 따라(예를 들어, 도 36 참조), 각 측면에 선택적 도메인 링커를 포함함). 일반적으로, scFv 도메인의 C-말단은 제2 단량체의 힌지의 N-말단에 부착되어 있다.

[0081] 본원에서 사용된 "가변 영역" 또는 "가변 도메인"이란, 카파, 람다 및 중쇄 면역글로불린 유전자 좌위를 각각 구성하는 Vκ, Vλ 및/또는 VH 유전자 중 임의의 것에 의해 실질적으로 인코딩되는 하나 이상의 Ig 도메인을 포함하고, 항원 특이성을 부여하는 CDR을 함유하는 면역글로불린의 영역을 의미한다. 따라서, "가변 중쇄

도메인"은 "가변 경쇄 도메인"과 쌍을 이루어 항원 결합 도메인("ABD")을 형성한다. 또한, 각각의 가변 도메인은 3개의 초가변 영역("상보성 결정 영역", "CDR")(가변 중쇄 도메인의 경우 VHCDR1, VHCDR2 및 VHCDR3, 및 가변 경쇄 도메인의 경우 VLCDR1, VLCDR2 및 VLCDR3), 및 아미노-말단에서 카르복시-말단으로, FR1-CDR1-FR2-CDR2-FR3-CDR3-FR4의 순서로 배열된 4개의 프레임워크(FR) 영역을 포함한다. 초가변 영역은 일반적으로 경쇄 가변 영역에서 약 24번 내지 34번(LCDR1; "L"은 경쇄를 나타냄), 50번 내지 56번(LCDR2) 및 89번 내지 97번(LCDR3) 아미노산 잔기로부터의 아미노산 잔기, 및 중쇄 가변 영역에서 약 31번 내지 35B번(HCDR1; "H"는 중쇄를 나타냄), 50번 내지 65번(HCDR2) 및 95번 내지 102번(HCDR3) 아미노산 잔기로부터의 아미노산 잔기(문헌[Kabat et al., SEQUENCES OF PROTEINS OF IMMUNOLOGICAL INTEREST, 5th Ed. Public Health Service, National Institutes of Health, Bethesda, Md. (1991)]) 및/또는 초가변 루프를 형성하는 잔기(예를 들어, 경쇄 가변 영역에서 26번 내지 32번(LCDR1), 50번 내지 52번(LCDR2) 및 91번 내지 96번(LCDR3) 잔기, 및 중쇄 가변 영역에서 26번 내지 32번(HCDR1), 53번 내지 55번(HCDR2) 및 96번 내지 101번(HCDR3) 잔기)(문헌[Chothia and Lesk (1987) J. Mol. Biol. 196:901-917])를 포함한다. 본 발명의 특정 CDR은 표 2에 기재되어 있다.

[0082] 본원에 사용된 "Fab" 또는 "Fab 영역"이란, 일반적으로 2개의 상이한 폴리펩타이드 사슬 상에 VH, CH1, VL 및 CL 면역글로불린 도메인(예를 들어, 하나의 사슬 상에 VH-CH1과 다른 하나의 사슬 상에 VL-CL)을 포함하는 폴리펩타이드를 의미한다. Fab은 단리된 이러한 영역, 또는 본원에 기재된 이중특이적 항체의 맥락에서의 이러한 영역을 나타낼 수 있다. Fab의 맥락에서, Fab는 CH1 도메인 및 CL 도메인에 더하여 Fv 영역을 포함한다.

[0083] 본원에 사용된 "Fv" 또는 "Fv 단편" 또는 "Fv 영역"이란, ABD의 VL 도메인 및 VH 도메인을 포함하는 폴리펩타이드를 의미한다. Fv 영역은 Fab(상기 논의된 바와 같이, 일반적으로 상기 개괄된 바와 같은 불변 영역을 또한 포함하는 2개의 상이한 폴리펩타이드) 및 scFv 두 가지 형식을 모두 취할 수 있으며, 여기서 VL 도메인과 VH 도메인은 조합되어(일반적으로 본원에 논의된 바와 같은 링커를 이용하여) scFv를 형성한다.

[0084] 본원에서 "단일 사슬 Fv" 또는 "scFv"란, 일반적으로 본원에 논의된 바와 같은 scFv 링커를 사용하여 가변 경쇄 도메인에 공유결합으로 부착되어, scFv 또는 scFv 도메인을 형성하는 가변 중쇄 도메인을 의미한다. scFv 도메인은, N-말단에서 C-말단으로, 어느 배향으로든 존재할 수 있다(VH-링커-VL 또는 VL-링커-VH). 서열목록 및 도면에 도시된 서열에서, VH 도메인과 VL 도메인의 순서는 명칭에 표시되어 있으며, 예를 들어 H.X_L.Y는, N-말단에서 C-말단으로, VH-링커-VL이고, L.Y_H.X는 VL-링커-VH이다.

[0085] 본원에 제공된 대상 항체의 일부 구현예는 자연 발생적인 것은 아니지만, 일반적으로 scFv 링커에 의해 함께 연결되는, 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하는 적어도 하나의 scFv 도메인을 포함한다. 본원에 개괄된 바와 같이, scFv 도메인은 일반적으로 N-말단에서 C-말단으로 VH-scFv 링커-VL로 배향되지만, 이는 임의의 scFv 도메인(또는 Fab로부터의 vh 서열 및 vl 서열을 사용하여 구조화된 도메인)의 경우 VL-scFv 링커-VH로 역전될 수 있으며, 여기서 선택적 링커는 형식에 따라 한쪽 또는 양쪽 말단에 있다.

[0086] 본원에서 "변형"이란, 폴리펩타이드 서열에서의 아미노산 치환, 삽입 및/또는 결실, 또는 단백질에 화학적으로 연결된 모이어티에 대한 변경을 의미한다. 예를 들어, 변형은 단백질에 부착된 변경된 탄수화물 또는 PEG 구조일 수 있다. 본원에서 "아미노산 변형"이란, 폴리펩타이드 서열에서의 아미노산 치환, 삽입 및/또는 결실을 의미한다. 명확성을 위해, 달리 언급되지 않는 한, 아미노산 변형은 항상 DNA에 의해 코딩된 아미노산, 예를 들어 DNA 및 RNA에 코돈을 갖는 20개의 아미노산에 대한 것이다.

[0087] 본원에서 "아미노산 치환" 또는 "치환"이란, 모 폴리펩타이드 서열에서 특정 위치의 아미노산을 상이한 아미노산으로 대체하는 것을 의미한다. 특히, 일부 구현예에서, 치환은 특정 위치에서 자연적으로 발생하지 않는(유기체 내에서 또는 임의의 유기체에서 자연적으로 발생하지 않는) 아미노산에 대한 것이다. 예를 들어, 치환 E272Y는 변이형 폴리펩타이드로서, 이러한 경우 272번 위치의 글루탐산이 티로신으로 대체된 Fc 변이체를 나타낸다. 명확성을 위해, 핵산 코딩 서열은 변경하지만, 출발 아미노산은 변경하지 않도록 조작된 단백질(예를 들어, 숙주 유기체 발현 수준을 증가시키기 위해 CGG(아르기닌을 인코딩함)를 CGA(여전히 아르기닌을 인코딩함)로 교환함)은 "아미노산 치환"이 아니며; 즉, 동일한 단백질을 인코딩하는 새로운 유전자의 생성에도 불구하고, 단백질이 시작된 특정 위치에서 동일한 아미노산을 갖는 경우, 이는 아미노산 치환이 아니다.

[0088] 본원에 사용된 "아미노산 삽입" 또는 "삽입"이란, 모 폴리펩타이드 서열의 특정 위치에 아미노산 서열을 부가하는 것을 의미한다. 예를 들어, -233E 또는 233E는 233번 위치 이후 및 234번 위치 이전에 글루탐산의 삽입을 나타낸다. 또한, -233ADE 또는 A233ADE는 233번 위치 이후 및 234번 위치 이전에 AlaAspGlu의 삽입을 나타낸다.

[0089] 본원에 사용된 "아미노산 결실" 또는 "결실"이란, 모 폴리펩타이드 서열의 특정 위치에서 아미노산 서열을 제거하는 것을 의미한다. 예를 들어, E233- 또는 E233#, E233() 또는 E233del은 233번 위치에 있는 글루탐산의 결실을 나타낸다. 또한, EDA233- 또는 EDA233#은 233번 위치에서 시작하는 GluAspAla 서열의 결실을 나타낸다.

[0090] 본원에 사용된 "변이형 단백질", "단백질 변이체" 또는 "변이체"란, 적어도 하나의 아미노산 변형에 의해 모 단백질과 다른 단백질을 의미한다. 단백질 변이체는 모 단백질과 비교하여 적어도 하나의 아미노산 변형을 갖지만, 변이형 단백질이 하기 기재되는 바와 같은 정렬 프로그램을 사용하여 모 단백질과 정렬되지 않을 정도로 많지는 않다. 일반적으로, 본원에 개괄된 변이형 단백질(예컨대, 변이형 Fc 도메인 등)은 BLAST와 같은 하기 기재된 정렬 프로그램을 사용하여 측정 시, 일반적으로 모 단백질과 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일하다. 본원에 사용된 "변이체"란, 또한 특정 기능을 부여하는 특정 아미노산 변형(예를 들어, "이종이량체화 변이체", "pI 변이체", "절제 변이체" 등)을 나타낸다.

[0091] 하기에 기재되는 바와 같이, 일부 구현예에서, 모 폴리펩타이드, 예를 들어 Fc 모 폴리펩타이드는, 중쇄 불변 도메인, 또는 IgG1, IgG2, IgG3 또는 IgG4의 Fc 영역과 같은 인간 야생형 서열이지만, 변이체를 갖는 인간 서열이 또한 "모 폴리펩타이드"로서 작용할 수 있으며, 예를 들어 미국 특허출원공개 제2006/0134105호의 IgG1/2 혼성체가 포함될 수 있다. 본원의 단백질 변이체 서열은 바람직하게는 모 단백질 서열과 적어도 약 80%의 동일성, 가장 바람직하게는 적어도 약 90%의 동일성, 더욱 바람직하게는 적어도 약 95-98-99%의 동일성을 보유할 것이다. 따라서, 본원에 사용된 "항체 변이체" 또는 "변이형 항체"란, 적어도 하나의 아미노산 변형에 의해 모 항체와 다른 항체를 의미하고, 본원에 사용된 "IgG 변이체" 또는 "변이형 IgG"란, 적어도 하나의 아미노산 변형에 의해 모 IgG(다시 말해서, 다수의 경우에, 인간 IgG 서열)와 다른 항체를 의미하고, 본원에 사용된 "면역글로불린 변이체" 또는 "변이형 면역글로불린"이란, 적어도 하나의 아미노산 변형에 의해 모 면역글로불린 서열과 다른 면역글로불린 서열을 의미한다. 본원에 사용된 "Fc 변이체" 또는 "변이형 Fc"는, 인간 IgG1, IgG2 또는 IgG4의 Fc 도메인과 비교하여 Fc 도메인에 아미노산 변형을 포함하는 단백질을 의미한다.

[0092] 본원에 사용된 "Fc 변이체" 또는 "변이형 Fc"는, Fc 도메인에 아미노산 변형을 포함하는 단백질을 의미한다. 이러한 변형은 부가, 결실 또는 치환일 수 있다. Fc 변이체는 이를 구성하는 아미노산 변형에 따라 정의된다. 따라서, 예를 들어 N434S 또는 434S는 모 Fc 폴리펩타이드와 비교하여 434번 위치에 있는 세린에 대한 치환을 갖는 Fc 변이체이며, 여기서 넘버링은 EU 인덱스에 따른다. 마찬가지로, M428L/N434S는 모 Fc 폴리펩타이드와 비교하여 M428L 및 N434S의 치환을 갖는 Fc 변이체로 정의된다. WT 아미노산의 정체가 명시되지 않을 수 있으며, 이러한 경우 상기 언급된 변이체는 428L/434S로 지칭된다. 치환이 제공되는 순서는 임의적이며, 즉, 예를 들어 428L/434S는 434S/428L 등과 동일한 Fc 변이체라는 점에 유의해야 한다. 항체, 또는 이의 유도체 및 단편(예를 들어, Fc 도메인)과 관련하여 본 발명에서 논의된 모든 위치에 대하여, 달리 언급되지 않는 한, 아미노산 위치 넘버링은 EU 인덱스에 따른다. "EU 인덱스" 또는 "Kabat에서와 같은 EU 인덱스" 또는 "EU 넘버링" 체계는 EU 항체의 넘버링을 나타낸다(문헌[Edelman et al., 1969, Proc Natl Acad Sci USA 63:78-85](이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)).

[0093] 일반적으로, 변이형 Fc 도메인은 (하기 논의되는 동일성 알고리즘을 사용하여 측정 시, 하나의 구현예에서, 디폴트 매개변수를 사용하여 당업계에 공지된 바와 같은 BLAST 알고리즘을 이용하여 측정 시) 상응하는 모 인간 IgG Fc 도메인과 적어도 약 80%, 85%, 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99%의 동일성을 갖는다. 대안적으로, 변이형 Fc 도메인은 모 Fc 도메인과 비교하여 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개 또는 20개의 아미노산 변형이 있을 수 있다. 대안적으로, 변이형 Fc 도메인은 모 Fc 도메인과 비교하여 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 11개, 12개, 13개, 14개, 15개, 16개, 17개, 18개, 19개 또는 20개 이하의 아미노산 변형이 있을 수 있다. 또한, 본원에 논의된 바와 같이, 본원에 기재된 변이형 Fc 도메인은 미변성 겔 전기영동과 같은 본원에 기재된 바와 같은 공지된 기술을 사용하여 측정 시, 또 다른 Fc 도메인과 이량체를 형성하는 능력을 여전히 보유한다.

[0094] 본원에서 "단백질"이란, 적어도 2개의 공유결합으로 부착된 아미노산을 의미하며, 이에는 단백질, 폴리펩타이드, 올리고펩타이드 및 펩타이드가 포함된다. 또한, 본원에 기재된 항체를 구성하는 폴리펩타이드는 하나 이상의 측쇄 또는 말단의 합성 유도체화, 글리코실화, PEG화(PEGylation), 순환 치환, 고리화, 다른 분자에 대한 링커, 단백질 또는 단백질 도메인에의 융합, 및 펩타이드 태그 또는 표지의 부가를 포함할 수 있다.

[0095] 본원에 사용된 "잔기"란, 단백질 및 이의 관련 아미노산 정체의 위치를 의미한다. 예를 들어, 297번 아스파라긴(Asn297 또는 N297로도 지칭됨)은 인간 항체 IgG1에서 297번 위치의 잔기이다.

[0096] 본원에 사용된 "IgG 서브클래스 변형" 또는 "아이소타입 변형"이란, 하나의 IgG 아이소타입의 하나의 아미노산을 상이한 정렬된 IgG 아이소타입의 상응하는 아미노산으로 전환시키는 아미노산 변형을 의미한다. 예를 들어, EU 296번 위치에 IgG1은 티로신을 포함하고 IgG2는 페닐알라닌을 포함하기 때문에, IgG2에서의 F296Y 치환은 IgG 서브클래스 변형으로 간주된다.

[0097] 본원에 사용된 "비자연 발생 변형"이란, 아이소타입이 아닌 아미노산 변형을 의미한다. 예를 들어, 인간 IgG 중 어느 것도 434번 위치에 세린을 포함하지 않기 때문에, IgG1, IgG2, IgG3 또는 IgG4(또는 이들의 혼성체)에서의 434S 치환은 비자연 발생 변형으로 간주된다.

[0098] 본원에 사용된 "아미노산" 및 "아미노산 정체"란, DNA 및 RNA에 의해 코딩되는 20개의 자연 발생 아미노산 중 하나를 의미한다.

[0099] 본원에 사용된 "이펙터 기능"이란, 항체 Fc 영역과 Fc 수용체 또는 리간드의 상호작용으로부터 유도된 생화학적 사건을 의미한다. 이펙터 기능에는, 비제한적으로, ADCC, ADCP 및 CDC가 포함된다.

[0100] 본원에 사용된 "IgG Fc 리간드"란, IgG 항체의 Fc 영역에 결합하여 Fc/Fc 리간드 복합체를 형성하는 임의의 유기체로부터의 분자, 바람직하게는 폴리펩타이드를 의미한다. Fc 리간드에는, 비제한적으로, FcγRI, FcγRII, FcγRIII, FcRn, C1q, C3, 만난 결합 렉틴, 만노오스 수용체, 포도상구균 단백질 A, 연쇄상구균 단백질 G 및 바이러스 FcγR이 포함된다. Fc 리간드는 또한 FcγR과 상동성인 Fc 수용체의 패밀리인 Fc 수용체 상동체(FcRH)를 포함한다(문헌[Davis et al., 2002, Immunological Reviews 190:123-136](이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)). Fc 리간드는 Fc에 결합하는 발견되지 않은 분자를 포함할 수 있다. 특정 IgG Fc 리간드는 FcRn 및 Fc 감마 수용체이다. 본원에 사용된 "Fc 리간드"란, 항체의 Fc 영역에 결합하여 Fc/Fc 리간드 복합체를 형성하는 임의의 유기체로부터의 분자, 바람직하게는 폴리펩타이드를 의미한다.

[0101] 본원에 사용된 "Fc 감마 수용체", "FcγR" 또는 "Fc감마R"이란, IgG 항체 Fc 영역에 결합하고 FcγR 유전자에 의해 인코딩되는 단백질 패밀리의 임의의 구성원을 의미한다. 인간에서, 이러한 패밀리에는, 비제한적으로, 동형(isoform) FcγRIa, FcγRIb 및 FcγRIc를 포함하는 FcγRI(CD64); 동형 FcγRIIa(알로타입 H131 및 R131을 포함함), FcγRIIb(FcγRIIb-1 및 FcγRIIb-2를 포함함) 및 FcγRIIc를 포함하는 FcγRII(CD32); 및 동형 FcγRIIIa(알로타입 V158 및 F158을 포함함) 및 FcγRIIIb(알로타입 FcγRIIb-NA1 및 FcγRIIb-NA2를 포함함)를 포함하는 FcγRIII(CD16)(문헌[Jefferis et al., 2002, Immunol Lett 82:57-65](이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)), 및 임의의 발견되지 않은 인간 FcγR 또는 FcγR 동형 또는 알로타입이 포함된다. FcγR은, 비제한적으로, 인간, 마우스, 래트, 토끼 및 원숭이를 포함하는 임의의 유기체로부터 유래될 수 있다. 마우스 FcγR에는, 비제한적으로, FcγRI(CD64), FcγRII(CD32), FcγRIII(CD16) 및 FcγRIII-2(CD16-2), 및 임의의 발견되지 않은 마우스 FcγR, 또는 FcγR 동형 또는 알로타입이 포함된다.

[0102] 본원에 사용된 "FcRn" 또는 "신생아 Fc 수용체"란, IgG 항체 Fc 영역에 결합하고 적어도 부분적으로 FcRn 유전자에 의해 인코딩되는 단백질을 의미한다. FcRn은, 비제한적으로, 인간, 마우스, 래트, 토끼 및 원숭이를 포함하는 임의의 유기체로부터 유래될 수 있다. 당업계에 공지된 바와 같이, 기능성 FcRn 단백질은 종종 중쇄 및 경쇄로 지칭되는 2개의 폴리펩타이드를 포함한다. 여기서 경쇄는 베타-2-마이크로글로불린이고, 중쇄는 FcRn 유전자에 의해 인코딩된다. 본원에서 달리 언급되지 않는 한, FcRn 또는 FcRn 단백질은 FcRn 중쇄와 베타-2-마이크로글로불린의 복합체를 나타낸다. FcRn 수용체에 대한 결합을 증가시키기 위해, 일부 경우에는, 혈청 반감기를 증가시키기 위해 다양한 FcRn 변이체가 사용된다. "FcRn 변이체"는 FcRn 수용체에 대한 결합을 증가시키는 변이체이며, 적합한 FcRn 변이체는 하기에 제시되어 있다.

[0103] 본원에 사용된 "모 폴리펩타이드"란, 변이체를 생성하기 위해 후속으로 변형되는 출발 폴리펩타이드를 의미한다. 모 폴리펩타이드는 자연 발생 폴리펩타이드, 또는 자연 발생 폴리펩타이드의 변이체 또는 조작된 버전일 수 있다. 따라서, 본원에 사용된 "모 면역글로불린"이란, 변이체를 생성하기 위해 변형되는 변형되지 않은 면역글로불린 폴리펩타이드를 의미하고, 본원에 사용된 "모 항체"란, 변이형 항체를 생성하기 위해 변형되는 변형되지 않은 항체를 의미한다. "모 항체"가 하기에 개괄되는 바와 같이 공지된 시판용의 재조합적으로 제조된 항체를 포함한다는 점에 유의해야 한다. 이러한 맥락에서, "모 Fc 도메인"은 언급된 변이체에 대해 상대적일 것이며; 따라서, "변이형 인간 IgG1 Fc 도메인"은 인간 IgG1의 모 Fc 도메인과 비교한 것이고, "변이형 인간 IgG4 Fc 도메인"은 모 Fc 도메인 인간 IgG4와 비교한 것 등이다.

[0104] 본원에 사용된 "위치"란, 단백질 서열 내 위치를 의미한다. 위치는 순차적으로, 또는 확립된 형식, 예를 들어 항체 넘버링에 대한 EU 인덱스에 따라 넘버링될 수 있다.

[0105] 본원에서 사용된 "표적 항원"이란, 주어진 항체의 가변 영역을 포함하는 항원 결합 도메인 의해 특이적으로 결합되는 분자를 의미한다.

[0106] 본원에 기재된 이종이량체 항체의 단량체의 맥락에서 "가닥 배열(strandedness)"이란, "매칭"되는 DNA의 2개의 가닥과 유사하게, 이종이량체화 변이체가 이종이량체를 형성하기 위해 "매칭"되는 능력을 보존하도록 각각의 단량체에 혼입됨을 의미한다. 예를 들어, 일부 pI 변이체가 단량체 A로 조작되는 경우(예를 들어, pI를 더 높게 만드는 경우), 또한 이용될 수 있는 "전하 쌍"인 입체 변이체는 pI 변이체를 방해하지 않으며, 예를 들어 pI를 더 높게 만드는 전하 변이체는 두 가지 기능을 모두 보존하기 위해 동일한 "가닥" 또는 "단량체"에 배치된다. 유사하게는, 하기에 보다 충분히 개괄되는 바와 같이 세트의 쌍으로 된 "비대칭" 변이체의 경우, 당업자는, pI 분리가 비대칭체의 pI를 사용하여 최대화되도록, 한 쌍의 세트를 포함하는 어떠한 가닥 또는 단량체가 들어갈 것인지를 결정하는 데 pI를 고려할 것이다.

[0107] 본원에 사용된 "표적세포"란, 표적 항원을 발현하는 세포를 의미한다.

[0108] 본원에 기재된 항체에 따른 이중특이적 항체를 제조하는 맥락에서 "숙주세포"란, 이중특이적 항체의 구성요소를 인코딩하는 외인성 핵산을 함유하고, 적합한 조건 하에서 이중특이적 항체의 발현을 가능하게 하는 세포를 의미한다. 적합한 숙주세포는 하기에 논의되어 있다.

[0109] 본원에서 "야생형 또는 WT"란, 대립유전자 변이를 포함하는, 자연에서 발견되는 아미노산 서열 또는 뉴클레오타이드 서열을 의미한다. WT 단백질은 의도적으로 변형되지 않은 아미노산 서열 또는 뉴클레오타이드 서열을 갖는다.

[0110] 인간 항체 도메인과 동일한 서열을 갖는 다수의 항체 도메인이 본원에 제공된다. 2개의 유사한 서열(예를 들어, 항체 가변 도메인) 사이의 서열 동일성은 문헌[Smith, T.F. & Waterman, M.S. (1981) "Comparison Of Biosequences", Adv. Appl. Math. 2:482(국소 상동성 알고리즘)]; 문헌[Needleman, S.B. & Wunsch, CD. (1970) "A General Method Applicable To The Search For Similarities In The Amino Acid Sequence Of Two Proteins", J. Mol. Biol.48:443(상동성 정렬 알고리즘)], 문헌[Pearson, W.R. & Lipman, D.J. (1988) "Improved Tools For Biological Sequence Comparison", Proc. Natl. Acad. Sci. (U.S.A.) 85:2444(유사성 검색 방법)]; 또는 문헌[Altschul, S.F. et al, (1990) "Basic Local Alignment Search Tool", J. Mol. Biol. 215:403-10, "BLAST" 알고리즘(https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi 참고)]과 같은 알고리즘에 의해 측정될 수 있다. 상기 언급된 알고리즘 중 임의의 것이 사용되는 경우, (윈도우 길이, 갭 페널티 등에 대한) 디폴트 매개변수가 사용된다. 하나의 구현예에서, 서열 동일성은 디폴트 매개변수를 사용하여 BLAST 알고리즘을 사용하여 수행된다.

[0111] 본원에 기재된 항체는 일반적으로 단리된 것이거나 재조합된 것이다. 본원에 개시된 다양한 폴리펩타이드를 기재하는 데 사용될 때 "단리된"은, 발현된 세포 또는 세포 배양물로부터 식별되고, 분리 및/또는 회수된 폴리펩타이드를 의미한다. 통상적으로, 단리된 폴리펩타이드는 적어도 하나의 정제 단계에 의해 제조될 것이다. "단리된 항체"는 상이한 항원 특이성을 갖는 다른 항체가 실질적으로 없는 항체를 나타낸다. "재조합"은, 항체가 외인성 숙주세포에서 재조합 핵산 기법을 이용하여 항체가 생성되며, 또한 단리될 수 있다는 것을 의미한다.

[0112] 특정 항원 또는 에피토프에 대해 "특이적으로 결합하는" 또는 "특이적으로 결합한다" 또는 "특이적인"은, 비특이적 상호작용과 측정 가능하게 상이한 결합을 의미한다. 특이적 결합은, 예를 들어 분자의 결합을 일반적으로 결합 활성을 갖지 않는 유사한 구조의 분자인 대조군 분자의 결합과 비교하여 결정하는 방식으로 측정될 수 있다. 예를 들어, 특이적 결합은 표적과 유사한 대조군 분자와의 경쟁에 의해 측정될 수 있다.

[0113] 특정 항원 또는 에피토프에 대한 특이적 결합은, 예를 들어 항체가 항원 또는 에피토프에 대하여, 적어도 약 10^{-4} M, 적어도 약 10^{-5} M, 적어도 약 10^{-6} M, 적어도 약 10^{-7} M, 적어도 약 10^{-8} M, 적어도 약 10^{-9} M, 대안적으로 적어도 약 10^{-10} M, 적어도 약 10^{-11} M, 적어도 약 10^{-12} M 또는 그 이상의 KD를 갖는 것으로 나타날 수 있으며, 여기서 KD는 특정 항체-항원 상호작용의 해리 속도를 나타낸다. 전형적으로, 항원에 특이적으로 결합하는 항체는 항원 또는 에피토프에 비해 대조군 분자에 대하여 20배, 50배, 100배, 500배, 1000배, 5,000배, 10,000배 또는 그 이상의 KD를 가질 것이다.

[0114] 또한, 특정 항원 또는 에피토프에 대한 특이적 결합은, 예를 들어 항체가 대조군에 비해 에피토프에 대하여 적어도 20배, 50배, 100배, 500배, 1000배, 5,000배, 10,000배 또는 그 이상의 항원 또는 에피토프에 대한 KA 또는 Ka를 갖는 것으로 나타날 수 있으며, 여기서 KA 또는 Ka는 특정 항체-항원 상호작용의 해리 속도를

나타낸다. 결합 친화성은 일반적으로 Biacore, SPR 또는 BLI 검정을 사용하여 측정된다.

[0115] IV. 본 발명의 항체

[0116] 본 발명은 인간 CLDN6에 결합하는 항체(단클론 항체 및 이중특이적 항체 포함)를 제공한다(전임상 시험의 용이성을 위해 예시된 항체의 대부분은 아니지만 다수가 시노몰구스 원숭이 CLDN6(cyno CLDN6)에도 결합하지만, 이것이 모든 구현예에서 요구되는 것은 아니라는 점에 유의해야 한다). 특히, 하기에 보다 충분히 설명되는 바와 같이 다양한 형식을 취하는, CD3과 CLDN6에 결합하는 이중특이적 항체가 제공된다.

[0117] 특히 관심있는 것은, CLDN9보다 CLDN6에 우선적으로 결합하는 항-CLDN6 항원 결합 도메인(및 이를 함유하는 항체)이다.

[0118] 1. 항체

[0119] 본원에 제공된 항체는 하기에 보다 충분히 설명되는 바와 같이 상이한 항체 도메인을 포함한다. 본원에 기재되고 당업계에 공지된 바와 같이, 본원에 기재된 항체는 중쇄 및 경쇄 내에 상이한 도메인을 포함하며, 이들은 또한 중첩될 수 있다. 이러한 도메인에는, 비제한적으로, Fc 도메인, CH1 도메인, CH2 도메인, CH3 도메인, 힌지 도메인, 중쇄 불변 도메인(CH1-힌지-Fc 도메인 또는 CH1-힌지-CH2-CH3), 가변 중쇄 도메인, 가변 경쇄 도메인, 경쇄 불변 도메인, Fab 도메인 및 scFv 도메인이 포함된다.

[0120] 특히, 도 17 및 도 36에 도시된 형식은 통상적으로 "이종이량체 항체"로 지칭되며, 이는 단백질이 이종이량체 Fc 도메인으로 자가 조립되는 적어도 2개의 회합된 Fc 서열과, Fab 또는 scFv로서의 적어도 2개의 Fv 영역을 갖는다는 것을 의미한다.

[0121] a. 키메라 항체 및 인간화 항체

[0122] 특정 구현예에서, 본원에 기재된 항체는 특정 생식계열 중쇄 면역글로불린 유전자로부터의 중쇄 가변 영역 및/또는 특정 생식계열 경쇄 면역글로불린 유전자로부터의 경쇄 가변 영역을 포함한다. 예를 들어, 이러한 항체는 특정 생식계열 서열의 "산물"이거나 "이에서 유도된" 중쇄 가변 영역 또는 경쇄 가변 영역을 포함하는 인간 항체를 포함하거나 이로 이루어질 수 있다. 인간 생식계열 면역글로불린 서열의 "산물"이거나 "이에서 유도된" 인간 항체는, 인간 항체의 아미노산 서열을 인간 생식계열 면역글로불린의 아미노산 서열과 비교하고, (본원에 개괄된 방법을 사용하여) 인간 항체의 서열에 가장 가까운(예를 들어, 가장 높은 동일성%) 인간 생식계열 면역글로불린 서열을 선택하는 방식으로 식별될 수 있다. 특정 인간 생식계열 면역글로불린 서열의 "산물"이거나 "이에서 유도된" 인간 항체는, 예를 들어 자연 발생 체세포 돌연변이 또는 부위 특이적 돌연변이의 의도적인 도입으로 인해, 생식계열 서열과 비교하여 아미노산 차이를 함유할 수 있다. 하지만, 인간화 항체는 전형적으로 인간 생식계열 면역글로불린 유전자에 의해 인코딩된 아미노산 서열과 아미노산 서열이 적어도 90% 동일하며, 다른 종의 생식계열 면역글로불린 아미노산 서열(예를 들어, 쥣과 생식계열 서열)과 비교하여 항체를 인간 서열에서 유도된 것으로서 식별하는 아미노산 잔기를 함유한다. 특정 경우에, 인간화 항체는 생식계열 면역글로불린 유전자에 의해 인코딩되는 아미노산 서열과, 아미노산 서열에 있어, 적어도 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%, 또는 심지어 적어도 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일할 수 있다. 전형적으로, 특정 인간 생식계열 서열에서 유도된 인간화 항체는 인간 생식계열 면역글로불린 유전자에 의해 인코딩된 아미노산 서열로부터 최대 10개 내지 20개의 아미노산 차이를 나타낼 것이다(본원에서 임의의 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체의 도입 이전에, 즉, 본원에 기재된 변이체의 도입 이전에 변이체의 수는 일반적으로 적음). 특정 경우에, 인간화 항체는 생식계열 면역글로불린 유전자에 의해 인코딩된 아미노산 서열로부터 5개 이하, 또는 심지어 4개, 3개, 2개 또는 1개 이하의 아미노산 차이를 나타낼 수 있다(다시 말하면, 본원에서 임의의 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체의 도입 이전에, 즉, 본원에 기재된 변이체를 도입하기 이전에 변이체의 수는 일반적으로 적음). 일부 구현예에서, 아미노산 차이는 6개 CDR 중 하나 이상에 있다. 일부 구현예에서, 아미노산 차이는 VH 및/또는 VL 프레임워크 영역에 있다.

[0123] 하나의 구현예에서, 모 항체는 당업계에 공지된 바와 같이 친화성이 성숙되어 있다. 구조 기반 방법은, 예를 들어 미국 특허출원 USSN 제11/004,590호에 기재된 바와 같이 인간화 및 친화성 성숙을 위해 이용될 수 있다. 선택 기반 방법은 항체 가변 영역을 인간화하고/하거나 이의 친화성을 성숙시키기 위해 이용될 수 있으며, 이에는, 비제한적으로, 문헌[Wu et al., 1999, J. Mol. Biol. 294:151-162]; 문헌[Baca et al., 1997, J. Biol. Chem. 272(16):10678-10684]; 문헌[Rosok et al., 1996, J. Biol. Chem. 271(37): 22611-22618]; 문헌[Rader et al., 1998, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95: 8910-8915]; 문헌[Krauss et al., 2003, Protein Engineering 16(10):753-759](이들은 모두 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 방법이 포함

된다. 다른 인간화 방법은 CDR의 일부만 이식하는 것을 포함할 수 있으며, 이에는, 비제한적으로, 미국 특허출원 USSN 제09/810,510호; 문헌[Tan et al., 2002, J. Immunol. 169:1119-1125]; 문헌[De Pascalis et al., 2002, J. Immunol. 169:3076-3084](이들은 모두 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 방법이 포함된다.

[0124] 2. 이종이량체 항체

[0125] 예시적인 구현예에서, 본원에 제공된 이중특이적 항체는 2개의 변이형 Fc 도메인 서열을 포함하는 이종이량체성 이중특이적 항체이다. 이러한 변이형 Fc 도메인은 이종이량체 항체의 자가 조립 및/또는 정제를 용이하게 하는 아미노산 변형을 포함한다.

[0126] 항체 기술에서 현재 진행 중인 문제는, 2개의 상이한 항원에 동시에 결합하는, 일반적으로 상이한 항원들을 근접하게 하여 새로운 기능 및 새로운 요법을 유도하는 "이중특이적" 항체에 대한 바람이다. 일반적으로, 이러한 항체는 각각의 중쇄 및 경쇄에 대한 유전자를 숙주세포에 포함시키는 방식으로 제조된다. 이는, 일반적으로 목적하는 이종이량체(A-B)뿐 아니라, 2개의 동종이량체(A-A 및 B-B(경쇄 이종이량체 문제는 포함하지 않음))를 형성시킨다. 하지만, 이중특이적 항체의 형성에서 주요 장애물은, 동종이량체의 형성보다 목적하는 이종이량체 항체의 형성으로 편향시키고/시키거나 동종이량체에서 이종이량체 항체를 정제하는 것이 어렵다는 점이다.

[0127] 대상 이종이량체 항체를 생성하는 데 사용될 수 있는 다수의 메커니즘이 존재한다. 또한, 당업자가 이해하는 바와 같이, 이러한 상이한 메커니즘은 높은 이종이량체화를 보장하도록 조합될 수 있다. 이종이량체의 생성 및 정제를 용이하게 하는 아미노산 변형은 일반적으로 "이종이량체화 변이체"로 총칭된다. 하기에 논의되는 바와 같이, 이종이량체화 변이체는 "비대칭" 변이체(예를 들어, 하기에 기재되는 "놉 앤 홀(knobs and holes)" 및 "전하 쌍" 변이체) 뿐 아니라, 동종이량체로부터 이종이량체의 정제를 가능하게 하는 "pI 변이체"를 포함한다. 미국 특허 제9,605,084호(이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 일반적으로 기재되고, 구체적으로 이종이량체화 변이체에 대하여 하기에 논의되는 바와 같이, 이종이량체화에 유용한 메커니즘에는, 미국 특허 제9,605,084호에 기재된 바와 같은 "놉 앤 홀"("KIH"), 미국 특허 제9,605,084호에 기재된 바와 같은 "정전기 스티어링(electrostatic steering)" 또는 "전하 쌍", 미국 특허 제9,605,084호에 기재된 바와 같은 pI 변이체, 및 미국 특허 제9,605,084호 및 하기에 개괄되는 바와 같은 일반적인 추가 Fc 변이체가 포함된다.

[0128] 대상 이종이량체 항체(예를 들어, 이중특이적 항체)의 형성 및 정제에 유용한 이종이량체화 변이체가 하기에 상세하게 추가로 논의된다.

[0129] a. 비대칭 변이체

[0130] 일부 구현예에서, 이종이량체 항체는 Fc 동종이량체(2개의 제1 Fc 도메인 또는 2개의 제2 Fc 도메인을 포함하는 Fc 이량체; A-A 또는 B-B)보다 Fc 이종이량체(제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인을 포함하는 Fc 이량체; A-B)의 형성을 유리하게 하는, 제1 Fc 도메인(A) 및/또는 제2 Fc 도메인(B) 내 하나 이상의 아미노산 변형인 비대칭 변이체를 포함한다. 적합한 비대칭 변이체는 도 1뿐 아니라, 미국 특허출원공개 제2016/0355608호의 도 29에 포함되어 있으며, 상기 문헌은 그 전문이, 구체적으로 비대칭 변이체의 개시내용이 본원에 참조로서 인용된다.

[0131] 따라서, 이종이량체 Fc 영역의 형성을 가능하게 하는 적합한 Fc 이종이량체화 변이체 쌍이 도 1에 도시되어 있다. 따라서, 제1 Fc 도메인은 도 1의 쌍에서 선택되는 제1 Fc 이종이량체화 변이체를 갖고, 제2 Fc 도메인은 제2 Fc 이종이량체화 변이체를 갖는다.

[0132] 하나의 메커니즘은 일반적으로 당업계에서 "놉 앤 홀"로 지칭되고, 이종이량체 형성에 유리하고 동종이량체 형성에 불리한 입체적 영향을 생성하는 아미노산 조작을 지칭하는 것으로도 선택적으로 사용될 수 있으며; 이는 때때로 미국 특허출원 USSN 제61/596,846호, 문헌[Ridgway et al., Protein Engineering 9(7):617 (1996)]; 문헌[Atwell et al., J. Mol. Biol. 1997 270:26]; 미국 특허 제8,216,805호(이들은 모두 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 바와 같이 "놉 앤 홀"로 지칭된다. 도면은 "놉 앤 홀"에 의존하는 다수의 "단량체 A - 단량체 B" 쌍을 식별한다. 또한, 문헌[Merchant et al., Nature Biotech. 16:677 (1998)]에 기재된 바와 같이, 이러한 "놉 앤 홀" 돌연변이는 디설파이드 결합과 조합되어 이종이량체화 형성으로 편향되게 할 수 있다.

[0133] 이종이량체의 생성에 사용되는 추가의 메커니즘은 때때로 문헌[Gunasekaran et al., J. Biol. Chem. 285(25):19637 (2010)](이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 바와 같이 "정전기 스티어링"으로 지칭된다. 이는 때때로 본원에서 "전하 쌍"으로 지칭된다. 이러한 구현예에서, 정전기는 이종이량체화 형성으로 편향되게 하는 데 사용된다. 당업자가 이해하는 바와 같이, 이는 또한 pI, 및 이에 따른 정제에 영향을 미칠 수 있기 때문에, 일부 경우에 이는 또한 pI 변이체로 간주될 수 있다. 하지만, 이는 이종이량체화를 강제하기

위해 생성되었고 정제 도구로서 사용되지 않았기 때문에, 이들은 "입체 변이체"로 분류된다. 이에는, 비제한적으로, D221R/P228R/K409R과 쌍을 이루는 D221E/P228E/L368E(예를 들어, 이들은 "단량체" 상응 세트임) 및 C220R/E224R/P228R/K409R과 쌍을 이루는 C220E/P228E/368E가 포함된다.

[0134] 일부 구현예에서, 비대칭 변이체는 유리하게 및 동시에 "놉 앤 홀" 메커니즘뿐 아니라 "정전기 스티어링" 메커니즘에 기반하여 이종이량체화를 유리하게 한다. 일부 구현예에서, 이종이량체 항체는 상기와 같은 이종이량체화 비대칭 변이체의 하나 이상의 세트를 포함한다. 이러한 변이체는 "세트"의 "쌍"으로 이루어진다. 즉, 한 세트의 쌍은 제1 단량체에 혼입되고, 다른 한 세트의 쌍은 제2 단량체에 혼입된다. 이러한 세트가 반드시 하나의 단량체 상의 잔기와 다른 하나의 단량체 상의 잔기 사이에서 일대일 대응을 갖는 "놉 인 홀(knob in hole)" 변이체로서 거동할 필요가 없다는 점에 유의해야 한다. 즉, 이러한 세트의 쌍은 대신 이종이량체 형성을 유리하게 하고 동종이량체 형성을 불리하게 하는 2개의 단량체 사이의 인터페이스를 형성함으로써, 생물학적 조건하에 자발적으로 형성되는 이종이량체의 백분율이 예상되는 50%(25%의 동종이량체 A/A: 50%의 이종이량체 A/B: 25%의 동종이량체 B/B)가 아니라 90%가 초과되게 할 수 있다. 예시적인 이종이량체화 "비대칭" 변이체는 도 1에 도시되어 있다. 이러한 "비대칭" 변이체에는, 비제한적으로, S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L; K370S : S364K/E357Q(EU 넘버링)가 포함된다.

[0135] 예시적인 구현예에서, 이종이량체 항체는 Fc 이종이량체화 변이체를 하기와 같은 세트로 포함한다: S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L; K370S : S364K/E357Q; 또는 T366S/L368A/Y407V : T366W (선택적으로 브릿징 디설파이드, T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C를 포함함)는 Fc 이종이량체화 변이체의 모든 "비대칭" 변이체 아미노산 치환 세트임. 예시적인 구현예에서, 이종이량체 항체는 "S364K/E357Q : L368D/K370S" 아미노산 치환 세트를 포함한다. 명명법에 관하여, 쌍 "S364K/E357Q : L368D/K370S"는 단량체 중 하나가 아미노산 치환 S364K 및 E357Q를 포함하는 Fc 도메인을 포함하고, 다른 하나의 단량체가 아미노산 치환 L368D 및 K370S를 포함하는 Fc 도메인을 포함한다는 것을 의미하며; 상기와 같이 이러한 쌍의 "가닥 배열"은 출발 pI에 따라 달라진다.

[0136] 일부 구현예에서, 본원에 제공된 비대칭 변이체는 선택적으로 및 독립적으로, 비제한적으로, 다른 비대칭 변이체(예를 들어, 미국 특허출원공개 제2012/0149876호의 도 37 참조(상기 문헌은 특히 비대칭 변이체의 개시내용이 본원에 참조로서 인용됨)), pI 변이체, 아이소타입 변이체, FcRn 변이체, 절제 변이체 등을 포함하는 임의의 다른 변형과 함께, 이종이량체 항체의 제1 Fc 도메인과 제2 Fc 도메인 중 하나 또는 둘 모두에 혼입될 수 있다. 나아가, 개별 변형은 또한 독립적으로 및 선택적으로 대상 이종이량체 항체에 포함되거나 이로부터 배제될 수 있다.

[0137] 추가의 단량체 A 및 단량체 B 변이체는 본원에 개괄된 pI 변이체, 또는 US 2012/0149876(이의 모든 도면 및 범례 및 서열번호는 명백하게 본원에 참조로서 인용됨)의 도 37에 제시된 다른 입체 변이체와 같은 다른 변이체와, 선택적으로 및 독립적으로 임의의 양으로, 조합될 수 있다.

[0138] 일부 구현예에서, 본원에 개괄된 입체 변이체는 선택적으로 및 독립적으로 임의의 pI 변이체(또는 Fc 변이체, FcRn 변이체 등과 같은 다른 변이체)와 함께 한쪽 또는 양쪽 단량체에 혼입될 수 있으며, 이는 독립적으로 및 선택적으로 본원에 기재된 항체의 단백질에 포함되거나 이로부터 배제될 수 있다.

[0139] 적합한 비대칭 변이체의 목록은 도 1에서 확인할 수 있다. 특히, 다수의 구현예에서, 비제한적으로, S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L 및 K370S : S364K/E357Q를 포함하는 세트의 쌍이 사용된다. 명명법에 관하여, 쌍 "S364K/E357Q : L368D/K370S"는 하나의 단량체가 이중 변이체 세트 S364K/E357Q를 갖고, 다른 하나의 단량체가 이중 변이체 세트 L368D/K370S를 갖는 것을 의미한다.

[0140] b. 이종이량체를 위한 pI(등전점) 변이체

[0141] 일부 구현예에서, 이종이량체 항체는 동종이량체 단백질로부터 이종이량체 항체(예를 들어, 항-CLDN6 x 항-CD3 이중특이적 항체)의 분리를 유리하게 가능하게 하는 정제 변이체를 포함한다.

[0142] 이종이량체 항체의 정제를 용이하게 할 수 있는 몇 가지 기본 메커니즘이 존재한다. 예를 들어, 각각의 단량체가 상이한 pI를 갖도록 하는 항체 중쇄 단량체 A 및 B 중 하나 또는 둘 모두에 대한 변형은, 단량체 A-A 및 B-B 단백질로부터 이종이량체 A-B 항체의 등전위 정제를 가능하게 한다. 대안적으로, "1 + 1 Fab-scFv-Fc" 형식 및 "2 + 1 Fab_2-scFv-Fc" 형식과 같은 일부 스캐폴드 형식은 또한 크기를 기반으로 한 분리를 가능하게 한다. 상

기 기재된 바와 같이, 이는 또한 비대칭 변이체를 사용하여 동종이량체보다 이종이량체의 형성으로 "편향되게" 할 수 있다. 따라서, 특히 이종이량체화 비대칭 변이체와 pI 변이체의 조합이 본원에 제공된 이종이량체 항체에 사용된다.

[0143] 또한, 하기에 보다 충분히 개괄되는 바와 같이, 이종이량체 항체의 형식에 따라, pI 변이체가 단량체의 불변 영역 및/또는 Fc 도메인 내에 함유될 수 있고/있거나, 도메인 링커가 사용될 수 있다. 일부 구현예에서, 이종이량체 항체는 Fc 변이체, FcRn 변이체 및 KO 변이체와 같이 pI를 또한 변경시킬 수 있는 대안적인 기능에 대한 추가의 변형을 포함한다.

[0144] 일부 구현예에서, 본원에 제공된 대상 이종이량체 항체는 단량체의 pI를 변경하는 하나 이상의 변형(즉, "pI 변이체")을 갖는 적어도 하나의 단량체를 포함한다. 일반적으로, 당업자가 이해하는 바와 같이, 단백질의 pI를 증가시키는(염기성 변경) pI 변이체 및 단백질의 pI를 감소시키는(산성 변경) pI 변이체의 두 가지 일반적인 범주가 존재한다. 본원에 기재된 바와 같이, 이러한 변이체의 모든 조합이 이루어질 수 있으며, 하나의 단량체는 야생형, 또는 야생형과 유의하게 상이한 pI를 나타내지 않는 변이체일 수 있고, 다른 하나의 단량체는 더 염기성이거나 더 산성일 수 있다. 대안적으로, 각각의 단량체는 하나가 더 염기성으로 하나가 더 산성으로 변하게 된다.

[0145] 이종이량체 항체의 형식에 따라, pI 변이체가 단량체의 불변 및/또는 Fc 도메인 내에 함유될 수 있고/있거나, 하전된 링커(도메인 링커 또는 scFv 링커)가 사용될 수 있다. 즉, "1 + 1 Fab-scFv-Fc" 형식과 같이 scFv(들)을 이용하는 항체 형식은 정제 목적으로 추가의 pI 부스트를 제공하는 하전된 scFv 링커(양전하 또는 음전하)를 포함할 수 있다. 당업자가 이해하는 바와 같이, 일부 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식은 추가 pI 조정 없이 하전된 scFv 링커만으로 유용하지만, 본원에 기재된 항체는 단량체의 한쪽 또는 양쪽에 있는 pI 변이체, 및/또는 하전된 도메인 링커도 제공한다. 또한, 대안적인 기능을 위한 추가의 아미노산 조작은 또한 Fc 변이체, FcRn 변이체 및 KO 변이체와 같이 pI 변경을 부여할 수 있다.

[0146] 이종이량체 단백질의 정제를 가능하게 하는 분리 메커니즘으로서 pI를 이용하는 대상 이종이량체 항체에서, 아미노산 변이체는 단량체 폴리펩타이드 중 하나 또는 둘 모두에 도입된다. 즉, 하나의 단량체(본원에서 간단히 "단량체 A"로 지칭됨)의 pI가 단량체 B로부터 멀어지게 조작될 수 있거나, 단량체 A의 pI는 증가하고 단량체 B의 pI는 감소하도록 단량체 A와 단량체 B 둘 모두가 변할 수 있다. 하기에 보다 충분히 개괄되는 바와 같이, 한쪽 또는 양쪽 단량체의 pI 변경은, 하전된 잔기를 제거 또는 부가하거나(예를 들어, 중성 아미노산이 양 또는 음으로 하전된 아미노산 잔기로, 예를 들어 글리신에서 글루탐산으로 대체됨), 양 또는 음으로 하전된 잔기를 반대 전하로 변경하거나(아스파르트산에서 리신으로), 또는 하전된 잔기를 중성 잔기로 변경하는(예를 들어, 전하 손실, 리신에서 세린으로) 방식으로 수행될 수 있다. 다수의 이러한 변이체들이 도 1 및 도 2에 제시되어 있다.

[0147] 따라서, 일부 구현예에서, 대상 이종이량체 항체는 아미노산 치환("pI 변이체" 또는 "pI 치환체")을 단량체 중 하나 또는 둘 모두에 혼입시키는 방식으로 "pI 항체"를 형성하기 위해 이량체 단백질의 단량체 중 적어도 하나(둘 모두가 아닌 경우)의 등전점(pI)을 변경하는 불변 영역의 아미노산 변형을 포함한다. 본원에 제시된 바와 같이, 2개의 동종이량체로부터 이종이량체를 분리시키는 것은, 2개의 단량체의 pI가 0.2, 0.3, 0.4, 0.5 또는 그 이상으로 0.1 pH 단위만큼 차이가 나는 경우에 달성될 수 있으며, 이들은 모두 본원에 기재된 항체에 사용된다.

[0148] 당업자가 이해하는 바와 같이, 양호한 분리를 얻기 위해 각각의 또는 양쪽 단량체(들)에 포함되는 pI 변이체의 수는 부분적으로, 예를 들어 1 + 1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식에서의 구성요소의 출발 pI, 관심 scFv 및 Fab(들)의 출발 pI에 따라 달라질 것이다. 즉, 조작하고자 하는 단량체 또는 이의 "방향"(예를 들어, 더 양으로 또는 더 음으로)을 결정하기 위해, 2개의 표적 항원의 Fv 서열이 계산되고, 이로부터 결정이 이루어진다. 당업계에 공지된 바와 같이, 상이한 Fv는 본원에 기재된 항체에서 채용되는 상이한 출발 pI를 가질 것이다. 일반적으로, 본원에 개괄된 바와 같이, pI는 각각의 단량체의 총 pI 차이가 적어도 약 0.1 로그가 되도록 조작되며, 이러한 차이는 본원에 개괄된 바와 같이 0.2 내지 0.5가 바람직하다.

[0149] 중쇄(들)의 불변 영역(들)을 사용하여 이종이량체화를 달성하기 위해 pI 변이체가 사용되는 경우, 이중특이적 단백질(항체 포함)을 설계하고 정제하는 더 모듈화된 접근법이 제공된다. 따라서, 일부 구현예에서, 이종이량체화 변이체(비대칭 이종이량체화 변이체 및 pI 이종이량체화 변이체를 포함함)는 가변 영역에 포함되어 있지 않기 때문에, 각각의 개별 항체가 조작되어야 한다. 또한, 일부 구현예에서, pI 변이체에서 기인하는 면역원성의 가능성은, pI가 유의한 면역원성의 도입없이 변경되도록 상이한 IgG 아이소타입으로부터의 pI 변이체를 이입

하는 방식으로 유의하게 감소된다. 따라서, 해결하고자 하는 추가적인 문제는 높은 인간 서열 함량을 갖는 낮은 pI 불변 도메인의 규명, 예를 들어 임의의 특정한 위치에서의 비인간 잔기의 최소화 또는 회피이다. 아이소타입 치환에 대안적으로 또는 이에 더하여, pI 변이체에서 기인하는 면역원성의 가능성은 등입체성 치환(예를 들어, Asn에서 Asp로; 및 Gln에서 Glu로)을 이용하여 유의하게 감소된다.

[0150] 하기 논의되는 바와 같이, 이러한 pI 조작으로 발생할 수 있는 부수적 이점은 또한 혈청 반감기의 연장 및 FcRn 결합의 증가이다. 즉, 미국 특허출원공개 제2012/0028304호(이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 기재된 바와 같이, 항체 불변 도메인(항체 및 Fc 융합체에서 발견되는 것들 포함)의 pI를 낮추면, 생체내에서 더 긴 혈청 체류로 이어질 수 있다. 혈청 반감기 증가를 위한 이러한 pI 변이체는 또한 정제를 위한 pI 변경을 가능하게 한다.

[0151] 또한, 동종이량체가 존재하는 경우에는 제거, 최소화 및 구별하는 능력이 중요하기 때문에, pI 변이체가 이중특이적 항체의 분석 및 품질 관리 과정에 추가적인 이점을 제공한다는 점에 유의해야 한다. 유사하게, 이종이량체 항체 생산의 재현성을 신뢰성 있게 시험하는 능력이 중요하다.

[0152] 일반적으로, 특정한 용도의 구현예는, 동종이량체로부터 이종이량체의 정제를 용이하게 하기 위해 2개 단량체 사이의 pI 차이를 증가시키는 pI 변이체와 결합된, 동종이량체화 형성에 비해 이종이량체화 형성을 유리하게 하는 비대칭 변이체를 포함하는 변이체 세트에 의존한다.

[0153] pI 변이체의 예시적인 조합은 미국 특허출원공개 제2016/0355608호의 도 4 및 도 5, 및 도 30에 제시되어 있으며, 상기 문헌은 그 전문이, 구체적으로 pI 변이체의 개시내용이 본원에 참조로서 인용된다. pI 변이체의 바람직한 조합은 도 1 및 도 2에 제시되어 있다. 본원에 개괄되고 도면에 제시된 바와 같이, 이러한 변경은 IgG1과 관련하여 표시되어 있지만, 모든 아이소타입뿐 아니라 아이소타입 혼성체도 이러한 방식으로 변경될 수 있다. 중쇄 불변 도메인이 IgG2 내지 IgG4 유래인 경우, R133E 및 R133Q가 또한 사용될 수 있다.

[0154] 하나의 구현예에서, pI 변이체의 바람직한 조합은 208D/295E/384D/418E/421D 변이체(인간 IgG1과 비교하여 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D)를 포함하는 하나의 단량체(음전하 Fab 측)와, $(GKPGS)_4$(서열번호 1)를 포함하는 양으로 하전된 scFv 링커를 포함하는 제2 단량체(양전하 scFv 측)를 갖는다. 하지만, 당업자가 이해하는 바와 같이, 제1 단량체는 208번 위치를 포함하는 CH1 도메인을 포함한다. 따라서, CH1 도메인을 포함하지 않는 구조체에서(예를 들어, 도메인 중 하나에 CH1 도메인을 이용하지 않는 항체의 경우), 바람직한 음전하 pI 변이체 Fc 세트는 295E/384D/418E/421D 변이체(인간 IgG1과 비교하여 Q295E/N384D/Q418E/N421D)를 포함한다.

[0155] 따라서, 일부 구현예에서, 하나의 단량체는 도 2의 치환 세트를 갖고, 다른 하나의 단량체는 하전된 링커를 갖는다(단량체가 scFv 또는 하전된 도메인 링커를 포함하기 때문에, 형식이 지시하는 바와 같이, 도 5에 도시된 것에서 선택될 수 있는 하전된 scFv 링커 형식으로).

[0156] 일부 구현예에서, 변형은 EU 넘버링을 기준으로 216번, 217번, 218번, 219번, 220번, 221번, 222번, 223번, 224번, 225번, 226번, 227번, 228번, 229번 및 230번의 위치를 포함하는 Fc 도메인의 힌지에서 만들어진다. 따라서, pI 돌연변이, 특히 치환은 216번 내지 230번의 위치 중 하나 이상에서 만들어질 수 있으며, 여기서 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 돌연변이가 사용된다. 다시 말하면, 모든 가능한 조합이, 단독으로 또는 다른 도메인의 다른 pI 변이체와 함께, 고려된다.

[0157] 힌지 도메인의 pI를 저하시키는 데 사용되는 특정한 치환에는, 비제한적으로, 221번 위치에서의 결실, 222번 위치에서의 비천연 발린 또는 트레오닌, 223번 위치에서의 결실, 224번 위치에서의 비천연 글루탐산, 225번 위치에서의 결실, 235번 위치에서의 결실, 및 236번 위치에서의 결실 또는 비천연 알라닌이 포함된다. 일부 경우에, 힌지 도메인에는 pI 치환만이 일어나고, 다른 것들의 경우에는, 이러한 치환(들)이 다른 도메인의 다른 pI 변이체에 임의의 조합으로 부가된다.

[0158] 일부 구현예에서, 돌연변이는 EU 넘버링을 기준으로 233번, 234번, 235번, 236번, 274번, 296번, 300번, 309번, 320번, 322번, 326번, 327번, 334번 및 339번의 위치를 포함하는 CH2 영역에서 만들어 질 수 있다. IgG2 백본에서 (327A와 함께) 이펙터 기능을 증가시키기 위해 233번 내지 236번에서 변경이 이루어질 수 있다는 점에 유의해야 한다. 다시 말하면, 이러한 14가지 위치의 모든 가능한 조합이 이루어질 수 있으며; 예를 들어 =는 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 CH2 pI 치환을 갖는 변이형 Fc 도메인을 포함할 수 있다.

[0159] CH2 도메인의 pI를 저하시키는 데 사용되는 특정한 치환에는, 비제한적으로, 274번 위치에서의 비천연 글루타민

또는 글루탐산, 296번 위치에서의 비천연 페닐알라닌, 300번 위치에서의 비천연 페닐알라닌, 309번 위치에서의 비천연 발린, 320번 위치에서의 비천연 글루탐산, 322번 위치에서의 비천연 글루탐산, 326번 위치에서의 비천연 글루탐산, 327번 위치에서의 비천연 글리신, 334번 위치에서의 비천연 글루탐산, 339번 위치에서의 비천연 트레오닌, 및 CH2 내 및 다른 도메인과의 모든 가능한 조합이 포함된다.

[0160] 이러한 구현예에서, 변형은 독립적으로 및 선택적으로 CH3 영역의 (EU 넘버링) 355번, 359번, 362번, 384번, 389번, 392번, 397번, 418번, 419번, 444번 및 447번 위치에서 선택될 수 있다. CH3 도메인의 pI를 저하시키는 데 사용되는 특정한 치환에는, 비제한적으로, 355번 위치에서의 비천연 글루타민 또는 글루탐산, 384번 위치에서의 비천연 세린, 392번 위치에서의 비천연 아스파라긴 또는 글루탐산, 397번 위치에서의 비천연 메티오닌, 419번 위치에서의 비천연 글루탐산, 359번 위치에서의 비천연 글루탐산, 362번 위치에서의 비천연 글루탐산, 389번 위치에서의 비천연 글루탐산, 418번 위치에서의 비천연 글루탐산, 444번 위치에서의 비천연 글루탐산, 및 447번 위치에서의 결실 또는 비천연 아스파르트산이 포함된다.

[0161] 일반적으로, 당업자가 이해하는 바와 같이, 단백질의 pI를 증가시키는(염기성 변경) pI 변이체 및 단백질의 pI를 감소시키는(산성 변경) pI 변이체의 두 가지 일반적인 범주가 존재한다. 본원에 기재된 바와 같이, 이러한 변이체의 모든 조합이 이루어질 수 있으며, 하나의 단량체는 야생형, 또는 야생형과 유의하게 상이한 pI를 나타내지 않는 변이체일 수 있고, 다른 하나의 단량체는 더 염기성이거나 더 산성일 수 있다. 대안적으로, 각각의 단량체는 하나가 더 염기성으로 하나가 더 산성으로 변하게 된다.

[0162] pI 변이체의 바람직한 조합은 도 2에 제시되어 있다. 본원에 개괄되고 도면에 제시된 바와 같이, 이러한 변경은 IgG1과 관련하여 표시되어 있지만, 모든 아이소타입뿐 아니라 아이소타입 혼성체도 이러한 방식으로 변경될 수 있다. 중쇄 불변 도메인이 IgG2 내지 IgG4 유래인 경우, R133E 및 R133Q가 또한 사용될 수 있다.

[0163] 하나의 구현예에서, 예를 들어 도 36 형식에서, pI 변이체의 바람직한 조합은 208D/295E/384D/418E/421D 변이체(인간 IgG1과 비교하여 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D)를 포함하는 하나의 단량체(음전하 Fab 측)와, $(GKPGS)_4$(서열번호 1)를 포함하는 양으로 하전된 scFv 링커를 포함하는 제2 단량체(양전하 scFv 측)를 갖는다.

하지만, 당업자가 이해하는 바와 같이, 제1 단량체는 208번 위치를 포함하는 CH1 도메인을 포함한다. 따라서, CH1 도메인을 포함하지 않는 구조체에서(예를 들어, 도메인 중 하나에 CH1 도메인을 이용하지 않는 항체의 경우, 예를 들어 도 36b, 도 36c 또는 도 36d에 도시된 바와 같은 이중 scFv 형식 또는 "1-아암" 형식으로), 바람직한 음전하 pI 변이체 Fc 세트는 295E/384D/418E/421D 변이체(인간 IgG1과 비교하여 Q295E/N384D/Q418E/N421D)를 포함한다.

[0164] 따라서, 일부 구현예에서, 하나의 단량체는 도 4의 치환 세트를 갖고, 다른 하나의 단량체는 하전된 링커를 갖는다(단량체가 scFv 또는 하전된 도메인 링커를 포함하기 때문에, 형식이 지시하는 바와 같이, 도 5에 도시된 것에서 선택될 수 있는 하전된 scFv 링커 형식으로).

[0165] c. 아이소타입 변이체

[0166] 또한, 본원에 기재된 항체의 다수의 구현예는 특정 위치에서 하나의 IgG 아이소타입으로부터 또 다른 IgG 아이소타입으로의 pI 아미노산의 "이입"에 의존하기 때문에, 원치 않는 면역원성이 변이체에 도입될 가능성이 감소되거나 제거된다. 다수의 이러한 것들이 미국 특허출원공개 제2014/0370013호의 도 21에 제시되어 있으며, 상기 문헌은 본원에 참조로서 인용된다. 즉, IgG1은 높은 이펙터 기능을 포함하는 다양한 이유에서 치료용 항체를 위한 통상의 아이소타입이다. 하지만, IgG1의 중쇄 불변 영역은 IgG2보다 높은 pI를 갖는다(8.10 대 7.31). 특정 위치의 IgG2 잔기를 IgG1 백본에 도입하면, 생성된 단량체의 pI는 저하되고(또는 증가되고), 추가로 더 긴 혈청 반감기를 나타낸다. 예를 들어, IgG1은 137번 위치에 글리신(pI 5.97)을 갖고, IgG2는 글루탐산(pI 3.22)을 가지며, 글루탐산을 이입하는 것은 생성되는 단백질의 pI에 영향을 미칠 것이다. 하기에 기재되는 바와 같이, 다수의 아미노산 치환은 일반적으로 변이형 항체의 pI에 유의한 영향을 미치는 데 필요하다. 하지만, 하기에 논의되는 바와 같이, IgG2 분자의 변경도 혈청 반감기를 증가시킬 수 있다는 점에 유의해야 한다.

[0167] 다른 구현예에서, 비(non)아이소타입 아미노산 변경은 하기에 추가로 기재되는 바와 같이(예를 들어, 더 높은 pI 아미노산을 더 낮은 pI 아미노산으로 변경시키는 방식으로) 생성되는 단백질의 전반적인 전하 상태를 감소시키거나, 안정성을 위해 구조의 조정을 가능하게 하도록 이루어진다.

[0168] 또한, 중쇄 불변 도메인과 경쇄 불변 도메인 둘 모두를 pI 조작하면, 이종이량체 각각의 단량체에서 유의한 변화를 확인할 수 있다. 본원에 논의된 바와 같이, 2개의 단량체의 pI를 적어도 0.5만큼 차이나게 하면, 이온 교

환 크로마토그래피, 등전점 전기영동 또는 등전점에 민감한 다른 방법에 의한 분리를 가능하게 할 수 있다.

[0169] d. pI 계산

[0170] 각각의 단량체의 pI는 변이형 중쇄 불변 도메인의 pI와, 변이형 중쇄 불변 도메인 및 융합 파트너를 포함하는 전체 단량체의 pI에 따라 달라질 수 있다. 따라서, 일부 구현예에서, pI의 변경은 미국 특허출원공개 제2014/0370013호의 도 19에서의 도표를 사용하여 변이형 중쇄 불변 도메인을 기준으로 계산된다. 본원에 논의된 바와 같이, 어떤 단량체를 조작할 것인지는 일반적으로 Fv 및 스캐폴드 영역의 고유의 pI에 따라 결정된다. 대안적으로, 각 단량체의 pI가 비교될 수 있다.

[0171] e. 더 양호한 FcRn 생체내 결합도 부여하는 pI 변이체

[0172] pI 변이체가 단량체의 pI를 감소시키는 경우, 이들은 생체내 혈청 체류를 개선시키는 추가의 이점을 가질 수 있다.

[0173] 아직 연구 중이지만, Fc 영역은 엔도솜에서 pH 6에서 FcRn에 결합하여 Fc를 격리시키기 때문에, 생체내에서 더 긴 반감기를 갖는 것으로 여겨진다(문헌[Ghetie and Ward, 1997 Immunol Today. 18(12): 592-598](이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)). 이어서, 엔도솜 구획은 Fc를 세포 표면으로 재순환시킨다. 이러한 구획이 세포외 공간으로 개방되면, 약 7.4의 더 높은 pH는 Fc가 다시 혈액으로 방출되도록 유도한다. Dall' Acqua 등은, 마우스에서, pH 6 및 pH 7.4에서 FcRn 결합이 증가된 Fc 돌연변이체가 실제로 감소된 혈청 농도 및 야생형 Fc와 동일한 반감기를 갖는다는 것을 보여주었다(문헌[Dall' Acqua et al. 2002, J. Immunol. 169:5171-5180](이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)). pH 7.4에서 FcRn에 대한 Fc의 친화성 증가는 Fc가 다시 혈액으로 방출되는 것을 막는 것으로 여겨진다. 따라서, 생체내 Fc의 반감기를 증가시키는 Fc 돌연변이는 더 높은 pH에서 여전히 Fc의 방출을 허용하면서 더 낮은 pH에서 FcRn 결합을 이상적으로 증가시킬 것이다. 아미노산 히스티딘은 6.0 내지 7.4의 pH 범위에서 이의 전하 상태를 변경한다. 따라서, Fc/FcRn 복합체의 중요한 위치에서 His 잔기를 발견하는 것은 놀라운 일이 아니다.

[0174] 최근에는, 등전점이 더 낮은 가변 영역을 갖는 항체가 또한 더 긴 혈청 반감기를 가질 수 있다고 시사되었다(문헌[Igawa et al., 2010 PEDS. 23(5): 385-392](이는 그 전문이 참조로서 인용됨)). 하지만, 이의 메커니즘은 여전히 잘 이해되지 않고 있다. 나아가, 가변 영역은 항체마다 다르다. pI가 감소되고 반감기가 연장된 불변 영역 변이체는 본원에 기재된 바와 같이 항체의 약동학적 특성을 개선시키기 위한 더 모듈화된 접근법을 제공할 것이다.

[0175] f. 추가적인 기능을 위한 추가의 Fc 변이체

[0176] 상기 논의된 이종이량체화 변이체에 더하여, 비제한적으로, 하기 논의되는 바와 같이, 하나 이상의 FcγR 수용체에 대한 결합 변경, FcRn 수용체에 대한 결합 변경 등을 포함하는 다양한 이유로 이루어질 수 있는 다수의 유용한 Fc 아미노산 변형이 존재한다.

[0177] 따라서, 본원에 제공된 항체(이종이량체 및 동종이량체)는 본원에 개괄된 이종이량체화 변이체(예를 들어, pI 변이체 및 입체 변이체)를 포함하거나 포함하지 않는 아미노산 변형을 포함할 수 있다. 각각의 변이체 세트는 독립적으로 및 선택적으로 임의의 특정한 이종이량체 단백질에 포함되거나 이로부터 배제될 수 있다.

[0178] (i) FcγR 변이체

[0179] 따라서, 하나 이상의 FcγR 수용체에 대한 결합을 변경하기 위해 이루어질 수 있는 다수의 유용한 Fc 치환이 존재한다. 특정 구현예에서, 대상 항체는 하나 이상의 FcγR 수용체에 대한 결합을 변경하는 변형(즉, "FcγR 변이체")을 포함한다. 결합을 증가시킬뿐 아니라 결합을 감소시키는 치환이 유용할 수 있다. 예를 들어, FcγRIIIa에 대한 결합 증가는 일반적으로 ADCC(항체 의존적 세포 매개 세포독성; FcγR을 발현하는 비특이적 세포독성 세포가 표적세포 상에 결합된 항체를 인식하고, 이어서 표적세포의 용해를 유발하는 세포 매개 반응)의 증가를 유도하는 것으로 공지되어 있다. 유사하게, FcγRIIb(억제 수용체)에 대한 결합 감소가 일부 상황에서 또한 유익할 수 있다. 본원에 기재된 항체에 사용되는 아미노산 치환에는, 미국 특허 제8,188,321호(특히 도 41) 및 제8,084,582호, 및 미국 특허출원공개 제20060235208호 및 제20070148170호(이들은 모두 그 전문이, 구체적으로 그 안에 개시된 변이체에 대한 것이 본원에 명백하게 참조로서 인용됨)에 기재된 것들이 포함된다. 사용되는 특정 변이체에는, 비제한적으로, 236A, 239D, 239E, 332E, 332D, 239D/332E, 267D, 267E, 328F, 267E/328F, 236A/332E, 239D/332E/330Y, 239D/332E/330L, 243A, 243L, 264A, 264V 및 299T가 포함된다.

[0180] 또한, 미국 특허출원 USSN 제12/341,769호(이는 그 전문이 본원에 참조로서 인용됨)에 구체적으로 개시된 바와

같은, FcRn 수용체에 대한 결합 증가 및 혈청 반감기 증가에 사용되는 추가적인 Fc 치환이 존재하며, 이에는, 비제한적으로, 434S, 434A, 428L, 308F, 259I, 428L/434S, 428L/434A, 259I/308F, 436I/428L, 436I 또는 V/434S, 436V/428L 및 259I/308F/428L이 포함된다. 이러한 변형은 대상 항체의 Fc 도메인 중 하나 또는 둘 모두에 포함될 수 있다.

[0181] (ii) 절제 변이체

[0182] 유사하게, 기능성 변이체의 또 다른 범주는 "FcγR 절제 변이체" 또는 "Fc 녹아웃(FcKO 또는 KO) 변이체"이다. 이러한 구현예에서, 일부 치료적 적용을 위해, Fcγ 수용체(예를 들어, FcγR1, FcγRIIa, FcγRIIb, FcγRIIIa 등) 중 하나 이상 또는 전부에 대한 Fc 도메인의 정상적인 결합을 감소시키거나 제거하여, 추가적인 작용 메커니즘을 회피하는 것이 바람직하다. 즉, 예를 들어, 다수의 구현예에서, 특히 CD3에 1가로 결합하는 이중특이적 항체의 사용에 있어서, 일반적으로 ADCC 활성을 제거하거나 유의하게 감소시키기 위해 FcγRIIIa 결합을 절제하는 것이 바람직하다. 여기서, Fc 도메인 중 하나는 하나 이상의 Fcγ 수용체 절제 변이체를 포함한다. 이러한 절제 변이체는 도 3에 도시되어 있고, 이들 각각은 독립적으로 및 선택적으로 포함되거나 배제될 수 있으며, 여기서 바람직한 양태는 G236R/L328R, E233P/L234V/L235A/G236del/S239K, E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, E233P/L234V/L235A/G236del/S239K/A327G, E233P/L234V/L235A/G236del/S267K/A327G 및 E233P/L234V/L235A/G236del로 이루어지는 군에서 선택되는 절제 변이체를 이용한다. 본원에 언급된 절제 변이체는 FcγR 결합을 절제하지만, 일반적으로 FcRn 결합은 절제하지 않는다는 점에 유의해야 한다.

[0183] 당업계에 공지된 바와 같이, 인간 IgG1의 Fc 도메인은 Fcγ 수용체에 대한 결합이 높기 때문에, 이종이량체 항체 백본의 불변 도메인(또는 Fc 도메인)이 IgG1인 경우, 절제 변이체가 사용될 수 있다. IgG1 배경에서 절제 변이체에 대안적으로 또는 부가적으로, 297번 글리코실화 위치에서의 돌연변이(일반적으로, A 또는 S로)는, 예를 들어 FcγRIIIa에 대한 결합을 유의하게 절제할 수 있다. 인간 IgG2 및 IgG4는 Fcγ 수용체에 대한 결합이 자연적으로 감소하기 때문에, 절제 변이체를 포함하거나 포함하지 않는 백본이 사용될 수 있다.

[0184] B. 이종이량체 변이체와 Fc 변이체의 조합

[0185] 당업자가 이해하는 바와 같이, 모든 언급된 이종이량체화 변이체(비대칭 변이체 및/또는 pI 변이체를 포함함)는, 이들이 "가닥 배열" 또는 "단량체 분할"을 유지하는 한, 선택적으로 및 독립적으로 임의의 방식으로 조합될 수 있다. 일부 구현예에서, 본원에 제공된 이종이량체 항체는 도 4에 도시된 바와 같은 이종이량체화 비대칭 변이체, 등입체성 pI 치환 및 FcKO 변이체의 조합을 포함한다. 또한, 모든 이러한 변이체는 임의의 이종이량체화 형식으로 조합될 수 있다.

[0186] pI 변이체의 경우에, 특히 사용되는 구현예가 도면에 도시되어 있지만, 정제를 용이하게 하기 위해 2개의 단량체 사이의 pI 차이를 변경하는 기본 규칙에 따라 다른 조합이 생성될 수 있다.

[0187] 또한, 임의의 이종이량체화 변이체, 비대칭 변이체 및 pI 변이체는 또한 본원에 일반적으로 개괄된 바와 같이 Fc 절제 변이체, Fc 변이체, FcRn 변이체와 독립적으로 및 선택적으로 조합된다.

[0188] 이종이량체 1+1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체의 일부 구현예에 포함되는 변이체의 예시적인 조합은, 도 4에 포함되어 있다. 특정 구현예에서, 항체는 도 17a 및 도 17b에 제시된 바와 같은 이종이량체 1+1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체이다.

[0189] C. 항-CLDN6 x 항-CD3 이중특이적 항체

[0190] 또 다른 양태에서, 항-CLDN6 x 항-CD3(본원에서 "αCLDN6 x αCD3"으로도 지칭됨) 이중특이적 항체가 본원에 제공된다. 이러한 항체는 적어도 하나의 CLDN6 결합 도메인과 적어도 하나의 CD3 결합 도메인을 포함한다. 일부 구현예에서, 본원에 제공된 이중특이적 αCLDN6 x αCD3은 CLDN6을 발현하는 종양 부위에 선택적으로 면역 반응을 일으킨다.

[0191] 본원에서 명시되지 않는 한, 명칭에서 항원 목록의 순서는 구조를 지정하지 않으며; 즉, CLDN6 x CD3 1 + 1 Fab-scFv-Fc 항체는 scFv를 CLDN6 또는 CD3에 결합시킬 수 있지만, 일부 경우에는, 순서가 표시된 바와 같은 구조를 지정한다.

[0192] 본원에 보다 충분히 개괄된 바와 같이, ABD의 이러한 조합은 하기 개괄된 바와 같은 다양한 형식으로, 일반적으로는, 하나의 ABD가 Fab 형식이고, 다른 하나가 scFv 형식인 조합된 형식으로 존재할 수 있다. 본원에 제공된 이중특이적 항체에 사용되는 예시적인 형식에는, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab2-scFv-Fv 형식(예를 들어,

도 17a 및 도 17b 참조)이 포함된다. 다른 유용한 항체 형식에는, 비제한적으로, 도 36에 도시되고 하기에 보다 충분히 설명되는 바와 같은, "mAb-Fv", "mAb-scFv", "중앙-Fv", "1-아암 scFv-mAb", "scFv-mAb", "이중 scFv" 및 "트라이던트" 형식 항체가 포함된다.

[0193] 또한, 일반적으로, ABD 중 하나는, N-말단에서 C-말단으로, VH-scFv 링커-VL 또는 VL-scFv 링커-VH의 배향으로 본원에 개괄된 바와 같은 scFv를 포함한다. 상기 형식에 따르는 다른 ABD 중 하나 또는 둘 모두는, 일반적으로 하나의 단백질 사슬 상에 VH 도메인(일반적으로, 중쇄의 구성요소)을 포함하고 또 다른 단백질 사슬 상에 VL(일반적으로, 경쇄의 구성요소)을 포함하는 Fab이다.

[0194] 당업자가 이해하는 바와 같이, 임의의 6개 CDR의 세트, 또는 VH 도메인과 VL 도메인은 scFv 형식 또는 Fab 형식으로 존재할 수 있고, 이는 이어서 중쇄 불변 도메인과 경쇄 불변 도메인에 부가되며, 여기서 중쇄 불변 도메인은 변이체(CH1 도메인 및 Fc 도메인 내에 포함됨)를 포함한다. 서열목록에 포함된 scFv 서열은 특정 하전된 링커를 이용하지만, 본원에 개괄된 바와 같이 도 5에 도시된 것들을 포함하는 하전되지 않은 또는 달리 하전된 링커가 사용될 수 있다.

[0195] 또한, 상기 논의된 바와 같이, CDR의 식별을 위해 서열목록에 사용된 넘버링은 Kabat이지만, 표 2에 제시된 바와 같이 CDR의 아미노산 서열을 변화시키는 상이한 넘버링이 사용될 수 있다.

[0196] 본원에 열거된 모든 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인에 대해, 추가의 변이체가 만들어질 수 있다. 본원에 개괄된 바와 같이, 프레임워크(CDR 제외)가 미국 특허 제7,657,380호의 도 1(도면 및 범례는 그 전체가 본원에 참조로서 인용됨)에 열거된 것들에서 선택되는 인간 생식계열 서열과 적어도 약 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 동일성을 보유하는 한, 일부 구현예에서, 6개 CDR의 세트는 0개, 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 아미노산 변형(특히 아미노산 치환이 사용됨)뿐 아니라, 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인의 프레임워크 영역에 변경을 가질 수 있다. 따라서, 예를 들어 프레임워크 영역이 미국 특허 제7,657,380호의 도 1에 열거된 것들에서 선택되는 인간 생식계열 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 동일성을 보유하는 한, 본원에 기재된 바와 동일한 CDR은 인간 생식계열 서열과 상이한 프레임워크 서열과 조합될 수 있다. 대안적으로, 프레임워크 영역이 미국 특허 제7,657,380호의 도 1에 열거된 것들에서 선택되는 인간 생식계열 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 동일성을 보유하는 한, CDR은 아미노산 변형(예를 들어, CDR 세트에서 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 아미노산 변형(즉, 6개 CDR의 세트에서 변경의 총 수가 6개 미만의 아미노산 변형인 한, CDR은 변형될 수 있으며, 여기서 CDR의 임의의 조합이 변경됨; 예를 들어 v1CDR1에 하나의 변경, vhCDR2에 2개의 변경, vhCDR3에 변경 없음 등))뿐 아니라, 프레임워크 영역 변경을 가질 수 있다.

[0197] 본원에 논의된 바와 같이, 대상 이종이량체 항체는 2개의 항원 결합 도메인(ABD)을 포함하며, 이들은 각각 CLDN6 또는 CD3에 결합한다. 본원에 개괄된 바와 같이, 이러한 이종이량체 항체는 이중특이적이며 2가(각각의 항원은, 예를 들어 도 17a에 도시된 형식으로 단일 ABD에 의해 결합됨)일 수 있거나, 이중특이적이며 3가(예를 들어 도 17b에 도시된 바와 같이, 하나의 항원은 단일 ABD에 의해 결합되고, 다른 하나는 2개의 ABD에 의해 결합됨)일 수 있다.

[0198] 또한, 일반적으로, ABD 중 하나는, N-말단에서 C-말단으로, VH-scFv 링커-VL 또는 VL-scFv 링커-VH의 배향으로 본원에 개괄된 바와 같은 scFv를 포함한다. 상기 형식에 따르는 다른 ABD 중 하나 또는 둘 모두는, 일반적으로 하나의 단백질 사슬 상에 VH 도메인(일반적으로, 중쇄의 구성요소)을 포함하고 또 다른 단백질 사슬 상에 VL(일반적으로, 경쇄의 구성요소)을 포함하는 Fab이다.

[0199] 본 개시내용은 하기에 개괄되는 바와 같은 다수의 ABD를 제공한다. 당업자가 이해하는 바와 같이, 임의의 6개 CDR의 세트, 또는 VH 도메인과 VL 도메인은 scFv 형식 또는 Fab 형식으로 존재할 수 있고, 이는 이어서 중쇄 불변 도메인과 경쇄 불변 도메인에 부가되며, 여기서 중쇄 불변 도메인은 변이체(CH1 도메인 및 Fc 도메인 내에 포함됨)를 포함한다. 서열목록에 포함된 scFv 서열은 특정 하전된 링커를 이용하지만, 본원에 개괄된 바와 같이 도 5에 도시된 것들을 포함하는 하전되지 않은 또는 달리 하전된 링커가 사용될 수 있다.

[0200] 또한, 상기 논의된 바와 같이, CDR의 식별을 위해 서열목록에 사용된 넘버링은 Kabat이지만, 표 2에 제시된 바와 같이 CDR의 아미노산 서열을 변화시키는 상이한 넘버링이 사용될 수 있다.

[0201] 본원에 열거된 모든 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인에 대해, 추가의 변이체가 만들어질 수 있다. 본원에 개괄된 바와 같이, 프레임워크(CDR 제외)가 미국 특허 제7,657,380호의 도 1(도면 및 범례는 그 전체가 본원에 참조로서 인용됨)에 열거된 것들에서 선택되는 인간 생식계열 서열과 적어도 약 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 동일성을 보유하는 한, 일부 구현예에서, 6개 CDR의 세트는 0개, 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 아미노산 변형

(특히 아미노산 치환이 사용됨)뿐 아니라, 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인의 프레임워크 영역에 변경을 가질 수 있다. 따라서, 예를 들어 프레임워크 영역이 미국 특허 제7,657,380호의 도 1에 열거된 것들에서 선택되는 인간 생식계열 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 동일성을 보유하는 한, 본원에 기재된 바와 동일한 CDR은 인간 생식계열 서열과 상이한 프레임워크 서열과 조합될 수 있다. 대안적으로, 프레임워크 영역이 미국 특허 제7,657,380호의 도 1에 열거된 것들에서 선택되는 인간 생식계열 서열과 적어도 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 동일성을 보유하는 한, CDR은 아미노산 변형(예를 들어, CDR 세트에서 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개의 아미노산 변형(즉, 6개 CDR의 세트에서 변경의 총 수가 6개 미만의 아미노산 변형인 한, CDR은 변형될 수 있으며, 여기서 CDR의 임의의 조합이 변경됨; 예를 들어 VLCDR1에 하나의 변경, VHCDR2에 2개의 변경, VHCDR3에 변경 없음 등))뿐 아니라, 프레임워크 영역 변경을 가질 수 있다.

[0202] 1. CLDN6 항원 결합 도메인

[0203] 인간 CLDN6에 결합하는 항원 결합 도메인을 함유하는 단클론 및 이중특이적 항체(예를 들어, 본원에 제공된 항-CLDN6 x 항-CD3 항체), 및 융합 단백질이 본원에 제공된다. 적합한 6개 CDR의 세트 및/또는 VH 및 VL 도메인은 도 13, 도 14, 도 15 및 도 18에 도시되어 있다. 일부 구현예에서, 이종이량체 항체는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab2-scFv-Fv 형식 항체이지만(예를 들어, 도 17a 및 도 17b 참조), 하기 개괄된 임의의 형식이 이용될 수 있다.

[0204] 일부 구현예에서, CLDN6 ABD는 H1, H1.1, H1.2, H1.3, H1.4, H1.5, H1.6, H1.7, H1.8, H1.9, H1.19, H1.22, H1.24, H2, H2.1, H2.2, H2.3, H2.4, H2.5, H2.6, H2.7, H2.8, H2.9, H2.11, H2.12, H2.71, H2.75, H2.90, H2.91, H2.118 및 H2.119로 이루어지는 군에서 선택되는 VH의 vhCDR1, vhCDR2 및 vhCDR3 서열에서 선택되는 vhCDR 세트를 갖는다(도 14 및 도 15 참조).

[0205] 일부 구현예에서, CLDN6 ABD의 VH 도메인은 H1, H1.1, H1.2, H1.3, H1.4, H1.5, H1.6, H1.7, H1.8, H1.9, H1.19, H1.22, H1.24, H2, H2.1, H2.2, H2.3, H2.4, H2.5, H2.6, H2.7, H2.8, H2.9, H2.11, H2.12, H2.71, H2.75, H2.90, H2.91, H2.118 및 H2.119로 이루어지는 군에서 선택된다(도 14 및 도 15 참조).

[0206] 일부 구현예에서, CLDN6 ABD는 L1, L1.1, L1.4, L1.7, L1.16, L1.18, L1.19, L1.21, L1.22, L1.23, L1.27, L1.60, L1.107, L1.114, L1.187, L1.189 및 L2로 이루어지는 군에서 선택되는 VL의 vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3 서열에서 선택되는 vlCDR 세트를 갖는다(도 14 및 도 15 참조).

[0207] 일부 구현예에서, CLDN6 ABD의 VL은 L1, L1.1, L1.4, L1.7, L1.16, L1.7, L1.16, L1.18, L1.19, L1.21, L1.22, L1.23, L1.27, L1.60, L1.107, L1.114, L1.187, L1.189 및 L2로 이루어지는 군에서 선택된다(도 14 및 도 15 참조).

[0208] 따라서, 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍으로부터의 6개 CDR의 세트(vhCDR1, vhCDR2, vhCDR3, vlCDR1, vlCDR2 및 vlCDR3)를 갖는 CLDN6 ABD가 본원에 포함된다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18,

H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0209] 또한, 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍을 갖는 CLDN6 ABD가 본원에 포함된다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1,

H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114,

H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0210] 특정 구현예에서, VH/VL 쌍은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187로 이루어지는 군에서 선택된다.

[0211] 특정 구현예에서, VH/VL 쌍은 Fab이며, H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187로 이루어지는 군에서 선택된다.

[0212] 당업자가 이해하는 바와 같이, 적합한 CLDN6 결합 도메인은 도면에 도시된 바와 같은 6개 CDR의 세트를 포함할 수 있으며, 이에는 밑줄이 그어져 있거나, 또는 본원에 기재된 바 및 표 2에 제시된 바와 같이 상이한 넘버링 체계가 사용되는 경우에는, CDR은 도 13, 도 14 및 도 15에 도시된 것들의 VH 및 VL 서열 내에서 다른 정렬을 사용하여 식별된다. scFv 또는 Fab으로 사용되는 적합한 ABD는 또한 이러한 서열 및 도면에 도시된 바와 같은 전체 VH 서열 및 VL 서열을 포함할 수 있다. 본원에서 CLDN6에 대한 Fv를 함유하는 다수의 구현예에서, CLDN6에 결합하는 것은 Fab 단량체이다.

[0213] CLDN6에 대한 ABD를 형성하는 도면 및 서열목록에 개시된 모 CDR 세트에 더하여, 본원에 개시된 CLDN6 ABD CDR의 적어도 하나의 변형을 포함하는 CDR을 갖는 변이형 CLDN6 ABD가 본원에 제공된다(예를 들어, 도 13 내지 도 15 및 도 18, 및 서열목록). 하나의 구현예에서, 대상 이종이량체 항체의 CLDN6 ABD는 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 바와 같은 CLDN6 결합 도메인 VH/VL 쌍의 6개 CDR과 비교하여 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개의 아미노산 변형을 갖는 6개 CDR의 세트를 포함한다. 예시적인 구현예에서, 대상 이종이량체 항체의 CLDN6 ABD는 하기 CLDN6 결합 도메인 VH/VL 쌍 중 하나의 6개 CDR과 비교하여 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개의 아미노산 변형을 갖는 6개 CDR의 세트를 포함한다: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187. 특정 구현예에서, 대상 항체의 CLDN6 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 및/또는 유세포분석 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CLDN6에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CLDN6 ABD는 인간 CLDN6에 결합할 수 있다(도 11 참조). 일부 경우에, 각각의 변이체 CDR은 최대 1개 또는 2개의 아미노산 변경을 가지며, 여기서 CDR당 1개 이하가 특히 유용하다.

[0214] 일부 구현예에서, 대상 항체의 CLDN6 ABD는 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CLDN6 ABD의 6개 CDR과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 6개의 CDR을 포함한다. 예시적인 구현예에서, 대상 항체의 CLDN6 ABD는 하기 CLDN6 결합 도메인 VH/VL 쌍 중 하나의 6개 CDR과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 6개의 CDR을 포함한다: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187. 특정 구현예에서, 대상 항체의 CLDN6 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 및/또는 유세포분석 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CLDN6에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CLDN6 ABD는 인간 CLDN6 항원에 결합할 수 있다(도 11 참조).

[0215] 또 다른 예시적인 구현예에서, 대상 항체의 CLDN6 ABD는 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CLDN6 결합 도메인 VH/VL 쌍 중 어느 하나의 가변 중쇄(VH) 도메인과 가변 경쇄(VL) 도메인을 포함한다.

[0216] 일부 구현예에서, 대상 항체는 본원에 개시된 CLDN6 ABD VH 및 VL 도메인의 변이체인 가변 중쇄 도메인 및/또는 가변 경쇄 도메인을 포함하는 CLDN6 ABD를 포함한다. 하나의 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CLDN6 ABD의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인으로부터의

1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 변경을 갖는다. 예시적인 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 하기 CLDN6 결합 도메인 VH/VL 쌍 중 하나의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인으로부터의 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 변경을 갖는다: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187. 일부 구현예에서, 상기 변경은 도 13 내지 도 15 및 도 18에 도시된 VH 도메인에 있다. 일부 구현예에서, 상기 변경은 도 13 내지 도 15 및 도 18에 도시된 VL 도메인에 있다. 일부 구현예에서, 상기 변경은 도 13 내지 도 15 및 도 18에 도시된 VH 도메인과 VL 도메인에 있다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 아미노산 변경은 VH 및/또는 VL 프레임워크 영역(FR1, FR2, FR3 및/또는 FR4)에 있다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 아미노산 변경은 하나 이상의 CDR에 있다. 특정 구현예에서, 대상 항체의 CLDN6 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 및/또는 유세포분석 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CLDN6에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CLDN6 ABD는 인간 CLDN6 항원에 결합할 수 있다(도 11 참조).

[0217] 하나의 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CLDN6 ABD의 VH 및/또는 VL과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일하다. 예시적인 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 하기 CLDN6 결합 도메인 VH/VL 쌍 중 하나의 VH 및/또는 VL과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일하다: H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187. 일부 구현예에서, CLDN6 ABD는 도 13 내지 도 15 및 도 18에 도시된 VH 도메인과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 VH를 포함한다. 일부 구현예에서, CLDN6 ABD는 도 13 내지 도 15 및 도 18에 도시된 VL 도메인과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 VL을 포함한다. 일부 구현예에서, CLDN6 ABD는 도 13 내지 도 15 및 도 18에 도시된 VH 도메인 및 VL 도메인과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 VH 및 VL을 포함한다. 특정 구현예에서, 대상 항체의 CLDN6 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 및/또는 유세포분석 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CLDN6에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CLDN6 ABD는 인간 CLDN6 항원에 결합할 수 있다(도 11 참조).

[0218] 2. CD3 항원 결합 도메인

[0219] 본 발명의 이종이량체성 이중특이적 항체(예를 들어, 항-CLDN6 x 항-CD3 항체)는 또한 인간 엡실론 CD3(CD3ε)에 결합하는 ABD를 포함한다.

[0220] 적합한 6개 CDR의 세트 및/또는 VH 및 VL 도메인뿐 아니라, scFv 서열이 도 10에 도시되어 있다. 특히 사용되는 CD3 결합 도메인 서열에는, 비제한적으로, 도 10에 도시된 바와 같은 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31이 포함된다. 도 10에 제시된 바와 같이, 항-CD3 ABD가 scFv 도메인인 경우, VH 도메인과 VL 도메인은 어느 한 배향으로 존재할 수 있다.

[0221] 당업자가 이해하는 바와 같이, 적합한 CD3 결합 도메인은 도 10에 도시된 바와 같은 6개 CDR의 세트를 포함할 수 있으며, 이에는 밑줄이 그어져 있거나, 또는 본원에 기재된 바 및 표 2에 제시된 바와 같이 상이한 넘버링 체계가 사용되는 경우에는, CDR은 도 10a 내지 도 10f에 도시된 것들의 VH 및 VL 서열 내에서 다른 정렬을 사용하여 식별된다. scFv 또는 Fab으로 사용되는 적합한 ABD는 또한 이러한 서열 및 도면에 도시된 바와 같은 전체 VH 서열 및 VL 서열을 포함할 수 있다. 본원에서 CD3에 대한 Fv를 함유하는 다수의 구현예에서, CD3에 결합하는 것은 scFv 단량체이다.

[0222] CD3에 대한 ABD를 형성하는 도면 및 서열목록에 개시된 모 CDR 세트에 더하여, 본원에 개시된 CD3 ABD CDR의 적어도 하나의 변형을 포함하는 CDR을 갖는 변이형 CD3 ABD가 본원에 제공된다(예를 들어, 도 10 및 서열목록). 하나의 구현예에서, 대상 이종이량체 항체(예를 들어, 항-CLDN6 x 항-CD3 항체)의 CD3 ABD는 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 바와 같은 CD3 ABD의 6개 CDR과 비교하여 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개의 아미노산 변형을 갖는 6개 CDR의 세트를 포함한다. 예시적인 구현예에서, 대상 이종이량체 항체의 CD3 ABD는 하기 CD3 결합 도메인 중 하나의 6개 CDR과 비교하여 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개의 아미노산 변형을 갖는 6개 CDR의 세트를 포함한다: 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-

CD3 L1.47_H1.31(도 10). 특정 구현예에서, 대상 항체의 CD3 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), 유세포분석 및/또는 BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CD3 항원에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CD3 ABD는 인간 CD3에 결합할 수 있다.

[0223] 일부 구현예에서, 대상 항체의 CD3 ABD는 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CD3 ABD의 6개 CDR과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 6개의 CDR을 포함한다. 예시적인 구현예에서, 대상 항체의 CD3 ABD는 하기 CD3 결합 도메인 중 하나의 6개의 CDR과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 6개의 CDR을 포함한다: 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31(도 10). 특정 구현예에서, CD3 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), 유세포분석 및/또는 BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CD3에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CD3 ABD는 인간 CD3 항원에 결합할 수 있다.

[0224] 또 다른 예시적인 구현예에서, 대상 항체의 CD3 ABD는 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CD3 결합 도메인 중 어느 하나의 가변 중쇄(VH) 도메인과 가변 경쇄(VL) 도메인을 포함한다.

[0225] 일부 구현예에서, 대상 항체는 본원에 개시된 CD3 ABD VH 도메인과 CD3 ABD VL 도메인의 변이체인 가변 중쇄 도메인 및/또는 가변 경쇄 도메인을 포함하는 CD3 ABD를 포함한다. 하나의 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CD3 ABD의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인으로부터의 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 또는 10개의 아미노산 변경을 갖는다. 예시적인 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 하기 CD3 결합 도메인 중 하나의 VH 도메인 및/또는 VL 도메인으로부터의 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개, 10개의 아미노산 변경을 갖는다: 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31(도 10). 일부 구현예에서, 상기 변경은 도 10에 도시된 VH 도메인에 있다. 일부 구현예에서, 상기 변경은 도 10에 도시된 VL 도메인에 있다. 일부 구현예에서, 상기 변경은 도 10에 도시된 VH 도메인과 VL 도메인에 있다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 아미노산 변경은 VH 및/또는 VL 프레임워크 영역(FR1, FR2, FR3 및/또는 FR4)에 있다. 일부 구현예에서, 하나 이상의 아미노산 변경은 하나 이상의 CDR에 있다. 특정 구현예에서, 대상 항체의 CD3 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), 유세포분석 및/또는 BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CD3에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CD3 ABD는 인간 CD3 항원에 결합할 수 있다.

[0226] 하나의 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 도면 및 서열목록을 포함하여 본원에 기재된 CD3 ABD의 VH 및/또는 VL과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일하다. 예시적인 구현예에서, 변이형 VH 도메인 및/또는 변이형 VL 도메인은 하기 CD3 결합 도메인 중 하나의 VH 및/또는 VL과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일하다: 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31(도 10). 일부 구현예에서, CD3 ABD는 도 10에 도시된 VH 도메인과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 VH를 포함한다. 일부 구현예에서, CD3 ABD는 도 10에 도시된 VL 도메인과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 VL을 포함한다. 일부 구현예에서, CD3 ABD는 도 10에 도시된 VH 도메인 및 VL 도메인과 적어도 90%, 95%, 97%, 98% 또는 99% 동일한 VH 및 VL을 포함한다. 특정 구현예에서, CD3 ABD는 Biacore 검정, 표면 플라즈몬 공명(SPR), 유세포분석 및/또는 BLI 검정(생체층 간섭법, 예를 들어 Octet 검정) 중 적어도 하나에 의해 측정되는 바와 같이(여기서 후자가 특히 다수의 구현예에서 사용됨), CD3에 결합할 수 있다. 특정 구현예에서, CD3 ABD는 인간 CD3 항원에 결합할 수 있다.

[0227] 도 10의 αCD3 ABD에 더하여, 본 발명에 사용되는 추가의 ABD에는 WO2014/145806의 도 14 및 도 15에 도시된 것들이 포함되며, 상기 문헌은 그 안의 도면과 범례를 포함하여 그 전문이 본원에 명시적으로 포함된다.

[0228] 3. 링커

[0229] 본원에 제시된 바와 같이, 재조합 기법에 의해 생성되는 전형적인 펩타이드 결합을 포함하여 언급된 도메인(예

를 들어, scFv, Fab, Fc 도메인 등)을 공유결합으로 부착시키는 데 사용될 수 있는 (도메인 링커 또는 scFv 링커로 사용하기 위한) 다수의 적합한 링커가 존재한다. 대상 항체의 도메인을 서로 부착시키기 위한 예시적인 링커는 도 6에 도시되어 있다. 일부 구현예에서, 링커 펩타이드는 주로 다음의 아미노산 잔기를 포함할 수 있다: Gly, Ser, Ala 또는 Thr. 링커 펩타이드는 목적하는 활성을 보유하도록 서로에 대해 정확한 입체구조를 취하는 방식으로 2개의 분자를 연결하는 데 적절한 길이를 가져야 한다. 하나의 구현예에서, 링커는 약 1개 내지 50개 아미노산 길이이고, 바람직하게는 약 1개 내지 30개 아미노산 길이이다. 하나의 구현예에서, 1개 내지 20개 아미노산 길이의 링커가 사용될 수 있으며, 일부 구현예에서는 약 5개 내지 약 10개의 아미노산이 사용된다. 유용한 링커에는, 예를 들어 (GS)n, (GSGGS)n(서열번호 3), (GGGGS)n(서열번호 2) 및 (GGGS)n(서열번호 4)(여기서 n은 적어도 1(일반적으로 3 내지 4)의 정수임)을 포함하는 글리신-세린 중합체, 글리신-알라닌 중합체, 알라닌-세린 중합체 및 다른 가요성 링커가 포함되며, 이들 중 일부는 도 5 및 도 6에 제시되어 있다. 대안적으로는, 비제한적으로, 폴리에틸렌 글리콜(PEG), 폴리프로필렌 글리콜, 폴리옥시알킬렌, 또는 폴리에틸렌 글리콜과 폴리프로필렌 글리콜의 공중합체를 포함하는 다양한 비단백질성 중합체가 링커로서 사용될 수 있다.

[0230] 다른 링커 서열은 CL/CH1 도메인의 모든 잔기가 아닌 CL/CH1 도메인의 임의의 길이의 임의의 서열, 예를 들어 CL/CH1 도메인의 처음 5개 내지 12개의 아미노산 잔기를 포함할 수 있다. 링커는 면역글로불린 경쇄, 예를 들어 Cκ 또는 Cλ에서 유도될 수 있다. 링커는, 예를 들어 Cɣ1, Cɣ2, Cɣ3, Cɣ4, Cα1, Cα2, Cδ, Cε 및 Cμ를 포함하는 임의의 아이소타입의 면역글로불린 중쇄에서 유도될 수 있다. 링커 서열은 또한 다른 단백질, 예컨대 Ig-유사 단백질(예를 들어, TCR, FcR, KIR), 힌지 영역 유래 서열, 및 다른 단백질로부터의 다른 천연 서열에서 유도될 수 있다.

[0231] 일부 구현예에서, 링커는 본원에 개괄된 바와 같이 임의의 2개의 도메인을 함께 연결하는 데 사용되는 "도메인 링커"이다. 예를 들어, 도 17b에서, Fab의 CH1 도메인의 C-말단을 scFv의 N-말단에 부착시키는 도메인 링커가 존재할 수 있으며, (다수의 구현예에서 힌지가 이러한 도메인 링커로서 사용되지만) scFv의 C-말단을 CH2 도메인에 부착시키는 또 다른 선택적 도메인 링커가 존재할 수 있다. 임의의 적합한 링커가 사용될 수 있지만, 다수의 구현예는 도메인 링커로서, 예를 들어 (GS)n, (GSGGS)n(서열번호 3), (GGGGS)n(서열번호 2) 및 (GGGS)n(서열번호 4)(여기서 n은 적어도 1의 정수(일반적으로 3에서 4 내지 5까지)임)을 포함하는 글리신-세린 중합체뿐 아니라, 각각의 도메인이 이의 생물학적 기능을 보유하도록 충분한 길이 및 가요성을 갖는 2개 도메인의 재조합 부착을 가능하게 하는 임의의 펩타이드 서열을 이용한다. 일부 경우에, 하기에 개괄되는 바와 같이 "가닥 배열"에 주목하면, scFv 링커의 일부 구현예에서 사용된 바와 같은 하전된 도메인 링커가 사용될 수 있다. 예시적인 유용한 도메인 링커는 도 6에 도시되어 있다.

[0232] 특히 scFv 도메인을 "2+1" 형식으로 Fc 도메인에 부착시키는 데 사용되는 도메인 링커와 관련하여, 도 6에 제시된 바와 같은 "전장 힌지(full hinge) C220S 변이체", "플렉스 하프 힌지(flex half hinge)", "하전된 하프 힌지 1" 및 "하전된 하프 힌지 2"를 포함하여, 특히 사용되는 몇 가지 도메인 링커가 존재한다.

[0233] 일부 구현예에서, 링커는 본원에 논의된 바와 같이 VH 도메인과 VL 도메인을 공유결합으로 부착시키는 데 사용되는 "scFv 링커"이다. 다수의 경우, scFv 링커는 하전된 scFv 링커이며, 이들 중 다수는 도 5에 제시되어 있다. 따라서, 일부 구현예에서, 본원에 기재된 항체는 제1 단량체와 제2 단량체 사이의 pI 분리를 용이하게 하기 위해 하전된 scFv 링커를 추가로 제공한다. 즉, 양전하 또는 음전하 중 어느 하나(또는 상이한 단량체에서 scFv를 사용하는 스캐폴드의 경우에는 둘 모두)인 하전된 scFv 링커를 혼입시키는 방식으로, 이는 하전된 링커를 포함하는 단량체가 Fc 도메인에서 추가적인 변화를 만들지 않으면서 pI를 변경할 수 있게 한다. 이러한 하전된 링커는 임의의 scFv 함유 표준 링커로 치환될 수 있다. 다시 말하면, 당업자가 이해하는 바와 같이, 하전된 scFv 링커는 목적하는 pI 변화에 따라 정확한 "가닥" 또는 단량체에서 사용된다. 예를 들어, 본원에 논의된 바와 같이, 1+1 Fab-scFv-Fc 형식 이종이량체 항체를 만들기 위해, 목적하는 항원 결합 도메인 각각에 대한 Fv 영역의 본래의 pI가 계산되고, 하나가 scFv를 만들기 위해 선택되며, pI에 따라 양전하 또는 음전하 링커 중 어느 하나가 선택된다.

[0234] 하전된 도메인 링커는 마찬가지로 본원에 기재된 항체의 단량체의 pI 분리를 증가시키는 데 사용될 수 있고, 따라서 도 5에 포함된 링커는 본원에서 링커가 사용되는 임의의 구현예에서 사용될 수 있다.

[0235] D. 본 발명의 유용한 형식

[0236] 당업자가 이해하고 하기에 보다 충분히 논의되는 바와 같이, 본원에 제공된 이종이량체성 이중특이적 항체는 일반적으로 도 17 및 도 36에 도시된 바와 같이 매우 다양한 입체구조를 취할 수 있다. 일부 도면은 "단일 말단화" 구성을 도시한 것으로, 여기서 분자의 하나의 "아암"에 한 유형의 특이성이 존재하고, 다른 하나의 "아암"

에 상이한 특이성이 존재한다. 다른 도면은 "이중 말단화" 구성을 도시한 것으로, 여기서 분자의 "상단"에 적어도 한 가지 유형의 특이성이 존재하고, 분자의 "하단"에 하나 이상의 상이한 특이성이 존재한다. 따라서, 일부 구현예에서, 본원에 기재된 항체는 상이한 제1 항원과 제2 항원에 공동으로 결합하는 신규한 면역글로불린에 관한 것이다.

[0237] 당업자가 이해하는 바와 같이, 본원에 기재된 항체의 이종이량체 형식은 상이한 원자가를 가질뿐 아니라, 이중특이적일 수 있다. 즉, 본원에 기재된 항체의 이종이량체 항체는 2가이고 이중특이적일 수 있으며, 여기서 하나의 표적 종양 항원(예를 들어, CD3)은 하나의 결합 도메인에 의해 결합되고, 다른 하나의 표적 종양 항원(예를 들어, CLDN6)은 제2 결합 도메인에 의해 결합된다. 이종이량체 항체는 또한 3가이고 이중특이적일 수 있으며, 여기서 제1 항원은 2개의 결합 도메인에 의해 결합되고, 제2 항원은 제2 결합 도메인에 의해 결합된다. 본원에 개괄된 바와 같이, CD3이 표적 항원 중 하나인 경우, 잠재적인 부작용을 감소시키기 위해 CD3이 1가로만 결합되는 것이 바람직하다.

[0238] 본원에 기재된 항체는 항-CD3 항원 결합 도메인을 항-CLDN6 결합 도메인과 조합으로 이용한다. 당업자가 이해하는 바와 같이, 본원에 기재되고 임의의 도면에 도시된 바와 같은 항-CD3 CDR, 항-CD3 가변 경쇄 및 가변 중쇄 도메인, Fab 및 scFv의 임의의 조합이 사용될 수 있다. 유사하게, 본원에 기재되고 임의의 도면에 도시된 바와 같은 CDR, 가변 경쇄 및 가변 중쇄 도메인, Fab 및 scFv이, 선택적으로 및 독립적으로 임의의 조합으로, 사용될 수 있는지 여부에 관계없이, 임의의 항-CLDN6 항원 결합 도메인이 사용될 수 있다.

[0239] 1. 1+1 Fab-scFv-Fc 형식

[0240] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는, CD3 결합 도메인과 종양 표적 항원(CLDN6) 결합 도메인의 예시적인 조합을 포함하는, 도 17a에 제시된 바와 같은 "1+1 Fab-scFv-Fc" 또는 "병 오프너" 형식이다. 이러한 구현예에서, 항체 중 하나의 중쇄 단량체는 단일 사슬 Fv(하기에 정의되는 바와 같은 "scFv")와 Fc 도메인을 함유한다. scFv는 가변 중쇄 도메인(VH1)과 가변 경쇄 도메인(VL1)을 포함하며, 여기서 VH1은 하전될 수 있는 scFv 링커를 사용하여 VL1에 부착되어 있다(예를 들어, 도 5 참조). scFv는 도메인 링커를 사용하여 중쇄에 부착되어 있다(예를 들어, 도 6 참조). 다른 하나의 중쇄 단량체는 "일반(regular)" 중쇄(VH-CH1-힌지-CH2-CH3)이다. 1 + 1 Fab-scFv-Fc는 또한 VH-CH1과 상호작용하여 Fab을 형성하는 경쇄를 포함한다. 이러한 구조는 종종 병 오프너와 대략적인 시각적 유사성으로 인해 "병 오프너" 형식으로 지칭된다. 2개의 중쇄 단량체는, 하기에 보다 충분히 기재되는 바와 같이, 이종이량체 항체의 형성을 촉진시키는 불변 영역(예를 들어, Fc 도메인, CH1 도메인 및/또는 힌지 영역)에서의 아미노산 변이체(예를 들어, 상기 논의된 이종이량체화 변이체)의 사용을 통해 함께 결합된다.

[0241] 이러한 "1+1 Fab-scFv-Fc" 형식에는 몇 가지 뚜렷한 이점이 존재한다. 당업계에 공지된 바와 같이, 2개의 scFv 구조체에 의존하는 항체 유사체에는 종종 안정성 및 응집 문제가 있으며, 이는 "일반" 중쇄와 경쇄의 쌍을 추가하는 방식으로 본원에 기재된 항체에서 완화될 수 있다. 또한, 2개의 중쇄와 2개의 경쇄에 의존하는 형식과 달리, 중쇄와 경쇄의 잘못된 쌍(예를 들어, 중쇄 1과 경쇄 2의 쌍 등)에 대한 문제가 없다.

[0242] 본원에 개괄된 다수의 구현예는 일반적으로 scFv 링커(모든 경우는 아니지만, 다수의 경우에 하전된 것)를 사용하여 공유결합으로 부착된 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인을 포함하는 scFv를 포함하는 제1 단량체를 포함하는 1+1 Fab-scFv-Fc 또는 "병 오프너" 형식 항체에 의존하며, 여기서 scFv는 통상적으로 도메인 링커를 통해 제1 Fc 도메인의 N-말단에 공유결합으로 부착되어 있다. 도메인 링커는 하전되거나 하전되지 않고, 외인성이거나 내인성일 수 있다(예를 들어, 본래 힌지 도메인의 전부 또는 일부). 임의의 적합한 링커를 사용하여 scFv를 제1 Fc 도메인의 N-말단에 부착시킬 수 있다. 일부 구현예에서, 도메인 링커는 도 6의 도메인 링커에서 선택된다. 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식 또는 "병 오프너" 형식의 제2 단량체는 중쇄이고, 조성물은 경쇄를 추가로 포함한다.

[0243] 일반적으로, 다수의 바람직한 구현예에서, scFv는 CD3에 결합하는 도메인이고, Fab은 CLDN6 결합 도메인을 형성한다. 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식의 예시적인 항-CLDN6 x 항-CD3 이중특이적 항체는 도 17a에 도시되어 있다. 1+1 Fab-scFv-Fc 형식의 예시적인 항-CLDN6 x 항-CD3 이중특이적 항체는 도 19 및 도 20에 도시되어 있다.

[0244] 또한, 본원에 기재된 항체의 Fc 도메인은 일반적으로 비대칭 변이체(예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 아미노산 치환 세트, 여기서 특히 유용한 비대칭 변이체는 S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L, K370S : S364K/E357Q, T366S/L368A/Y407V : T366W 및 T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C로 이루어지는 군에서 선택됨), 선택적

으로 절제 변이체(도 3에 제시된 것들 포함), 선택적으로 하전된 scFv 링커(도 5에 제시된 것들 포함)를 포함하고, 중쇄는 pI 변이체(도 2에 제시된 것들 포함)를 포함한다.

[0245] 특정 구현예에서, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 스캐폴드 형식은 scFv-도메인 링커-CH2-CH3 단량체를 포함하는 제1 단량체, 제1 가변 중쇄 도메인-CH1-힌지-CH2-CH3 단량체를 포함하는 제2 단량체, 및 제1 가변 경쇄 도메인을 포함하는 제3 단량체를 포함한다. 일부 구현예에서, 제1 단량체의 CH2-CH3은 제1 변이형 Fc 도메인이고, 제2 단량체의 CH2-CH3은 제2 변이형 Fc 도메인이다. 일부 구현예에서, scFv는 scFv 가변 중쇄 도메인과, CD3 결합 모이어티를 형성하는 scFv 가변 경쇄 도메인을 포함한다. 특정 구현예에서, scFv 가변 중쇄 도메인과 scFv 가변 경쇄 도메인은 scFv 링커(모든 경우는 아니지만 다수의 경우 하전된 것, 예를 들어 도 5 참조)를 사용하여 공유 결합으로 부착되어 있다. 일부 구현예에서, 제1 가변 중쇄 도메인과 제1 가변 경쇄 도메인은 CLDN6 결합 도메인을 형성한다.

[0246] 일부 구현예에서, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 하전된 scFv 링커(일부 구현예에서, 도 5의 +H 서열이 바람직함), 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 본원에 개괄된 바와 같이 CD3에 결합하는 scFv를 포함하는 제1 단량체("scFv 단량체"); b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/ G236del/S267K, 및 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체("Fab 단량체"); 및 c) 가변 경쇄 도메인(VL)과 불변 경쇄 도메인(CL)을 포함하는 경쇄를 포함하는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식을 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다. 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인은 CLDN6 결합 모이어티를 구성한다.

[0247] 임의의 적합한 CD3 ABD는 본원에 제공된 것들을 포함하는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식 항체에 포함될 수 있다. 이러한 구현예에 특히 사용되는 CD3 결합 도메인 서열에는, 비제한적으로, H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31 또는 이의 변이체뿐 아니라, 도 10에 도시된 것들, 및 WO2014/145806의 도 14 및 15에 도시된 것들이 포함되며, 상기 문헌은 범례를 포함하여 본원에 참조로 인용된다.

[0248] 임의의 적합한 CLDN6 ABD는 본원에 제공된 것들을 포함하는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식 항체에 포함될 수 있다. 이러한 구현예에 특히 사용되는 CLDN6 ABD에는, 비제한적으로, 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH/VL 쌍에서 선택되는 VH 도메인과 VL 도메인이 포함된다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19,

H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2 또는 이의 변이체.

[0249] 특정 구현예에서, αCLDN6 ABD VH/VL 쌍은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187 또는 이의 변이체로 이루어지는 군에서 선택된다.

[0250] 일부 구현예에서, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 하전된 scFv 링커(일부 구현예에서, 도 6의 +H 서열이 바람직함), 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 본원에 개괄된 바와 같이 CD3에 결합하는 scFv를 포함하는 제1 단량체("scFv 단량체"); b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변

이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/ G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체("Fab 단량체"); 및 c) 가변 경쇄 도메인(VL)과 불변 경쇄 도메인(CL)을 포함하는 경쇄를 포함하는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식을 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다. 가변 중쇄 도메인과 가변 경쇄 도메인은 CLDN6 결합 도메인을 구성한다. 이러한 구현예에 특히 사용되는 CD3 결합 도메인 서열에는, 비제한적으로, H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31 또는 이의 변이체뿐 아니라, 도 10에 도시된 것들이 포함된다. 이러한 구현예에 특히 사용되는 CLDN6 결합 도메인 서열에는, 비제한적으로, H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187 또는 이의 변이체로 이루어지는 군에서 선택되는 αCLDN6 ABD VH_VL 쌍이 포함된다.

[0251] 1 + 1 형식 항체에 사용하기에 특히 유용한 CLDN6 서열과 CD3 서열 조합은, 예를 들어 도 19 및 도 20에 개시되어 있다.

[0252] 도 7a 내지 도 7d는, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식 항체에 유용한 일부 예시적인 Fc 도메인 서열을 보여준다. 도 7a 내지 도 7d에 도시된 "단량체 1" 서열은 전형적으로 "Fab-Fc 중쇄"의 Fc 도메인을 나타내고, "단량체 2" 서열은 "scFv-Fc 중쇄"의 Fc 도메인을 나타낸다. 나아가, 도 9는 이러한 형식으로 사용될 수 있는 유용한 CL 서열을 제공한다.

[0253] 일부 구현예에서, 본원에 도시된 임의의 VH 및 VL 서열(CLDN6에 관한 것을 포함하여, 도면 및 서열목록에 도시된 모든 VH 및 VL 서열을 포함함)은, 도면 및 서열목록에 제시된 임의의 항-CD3 scFv 서열을 사용하여 도 7a 내지 도 7d의 병 오프너 백본 형식에 "Fab 측"으로 부가될 수 있다.

[0254] 도 7a의 병 오프너 백본 1(선택적으로 428L/434S 변이체를 포함함)의 경우, 이러한 구현예에 특히 사용되는 CD 결합 도메인 서열에는, 비제한적으로, 도 7에 제시된 백본의 scFv 측으로서 부착된 CD3 결합 도메인 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47 및 항-CD3 H1.31_L1.47이 포함된다.

[0255] 2. mAb-Fv

[0256] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는 mAb-Fv 형식이다(도 36g). 이러한 구현예에서, 상기 형식은 하나의 단량체에 대한 "추가" 가변 중쇄 도메인의 C-말단 부착 및 다른 하나의 단량체에 대한 "추가" 가변 경쇄 도메인의 C-말단 부착의 사용에 의존하여 제3 항원 결합 도메인을 형성하며, 여기서 2개의 단량체의 Fab 부분은 CLDN6에 결합하고, "추가" scFv 도메인은 CD3에 결합한다.

[0257] 이러한 구현예에서, 제1 단량체는 제1 가변 중쇄 도메인과, 제1 Fc 도메인을 포함하는 제1 불변 중쇄 도메인을 포함하는 제1 중쇄를 포함하며, 여기서 제1 가변 경쇄 도메인은 도메인 링커를 사용하여 제1 Fc 도메인의 C-말단에 공유결합으로 부착되어 있다(VH1-CH1-힌지-CH2-CH3-[선택적 링커]-VL2). 제2 단량체는 제2 Fc 도메인을 포함하는 제2 불변 중쇄 도메인의 제2 가변 중쇄 도메인과, 도메인 링커를 사용하여 제2 Fc 도메인의 C-말단에 공유결합으로 부착된 제3 가변 중쇄 도메인을 포함한다(vh1-CH1-힌지-CH2-CH3-[선택적 링커]-VH2). 2개의 C-말단으로 부착된 가변 도메인은 CD3에 결합하는 Fv를 구성한다(2가 CD3 결합을 갖는 것이 덜 바람직하기 때문에). 이러한 구현예는 CLDN6에 결합하는 2개의 동일한 Fab을 형성하기 위해 중쇄와 회합하는, 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 추가로 이용한다. 본원의 구현예 중 다수에서, 이러한 구조체는, 목적하는 경우, 본원에 기재된 바와 같은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체, 추가의 Fc 변이체 등을 포함한다.

[0258] 본원에 기재된 항체는, CD3 결합 도메인 서열이 도 10에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 mAb-Fv 형식을 제공한다. 본원에 기재된 항체는, CLDN6 결합 도메인 서열이 도 13, 도 14 및 도 15에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 mAb-Fv 형식을 제공한다.

[0259] 또한, mAb-Fv 형식의 Fc 도메인은 비대칭 변이체(예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 아미노산 치환 세트, 여기서 특히 유용한 비대칭 변이체는 S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L, K370S : S364K/E357Q, T366S/L368A/Y407V : T366W 및 T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C로 이루어지는 군에서 선택됨), 선택적으로 절제 변이체(도 3에 제시된 것들 포함), 선택적으로 하전된 scFv 링커(도 5에 제시된 것들 포함)를 포함하고, 중쇄는 pI 변이체(도 2에 제시된 것들 포함)를 포함한다.

[0260] 일부 구현예에서, mAb-Fv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예

는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 경쇄의 제1 가변 경쇄 도메인과 함께 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 제1 가변 중쇄 도메인, 및 제2 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 제1 가변 경쇄 도메인과 함께, 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 제1 가변 중쇄 도메인, 및 제2 가변 중쇄 도메인과 함께 CD3에 결합하는 Fv(ABD)를 형성하는 제2 가변 경쇄를 포함하는 제2 단량체; 및 c) 제1 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 포함하는 mAb-Fv 형식을 포함한다.

[0261] 일부 구현예에서, mAb-Fv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 경쇄의 제1 가변 경쇄 도메인과 함께 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 제1 가변 중쇄 도메인, 및 제2 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 제1 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 제1 가변 중쇄 도메인, 및 제1 단량체의 제2 가변 중쇄 도메인과 함께 CD3에 결합하는 Fv(ABD)를 형성하는 제2 가변 경쇄를 포함하는 제2 단량체; 및 c) 제1 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 포함하는 mAb-Fv 형식을 포함한다.

[0262] 3. mAb-scFv

[0263] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는 mAb-scFv 형식이다(도 36h). 이러한 구현예에서, 상기 형식은 단량체 중 하나에 대한 scFv의 C-말단 부착의 사용에 의존하여 제3 항원 결합 도메인을 형성하며, 여기서 2개의 단량체의 Fab 부분은 CLDN6에 결합하고, "추가" scFv 도메인은 CD3에 결합한다. 따라서, 제1 단량체는 scFv 가변 경쇄 도메인, scFv 링커 및 scFv 가변 중쇄 도메인을 포함하는 scFv가 어느 배향으로든 C-말단에 공유결합으로 부착되어 있는 제1 중쇄(가변 중쇄 도메인과 불변 도메인을 포함함)를 포함한다(VH1-CH1-힌지-CH2-CH3-[선택적 링커]-VH2-scFv 링커-VL2 또는 VH1-CH1-힌지-CH2-CH3-[선택적 링커]-VL2-scFv 링커-VH2). 이러한 구현예는 CLDN6에 결합하는 2개의 동일한 Fab을 형성하기 위해 중쇄와 회합하는, 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 추가로 이용한다. 본원의 구현예 중 다수에서, 이러한 구조체는, 목적하는 경우, 본원에 기재된 바와 같은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체, 추가의 Fc 변이체 등을 포함한다.

[0264] 본원에 기재된 항체는, CD3 결합 도메인 서열이 도 10a 내지 도 10f에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체이고, CLDN6 결합 도메인 서열이 도 13 내지 도 15 및 도 18에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 mAb-scFv 형식을 제공한다.

[0265] 또한, mAb-scFv 형식의 Fc 도메인은 비대칭 변이체(예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 아미노산 치환 세트, 여기서 특히 유용한 비대칭 변이체는 S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L, K370S : S364K/E357Q, T366S/L368A/Y407V : T366W 및 T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C로 이루어지는 군에서 선택됨), 선택적으로 절제 변이체(도 3에 제시된 것들 포함), 선택적으로 하전된 scFv 링커(도 5에 제시된 것들 포함)를 포함하고, 중쇄는 pI 변이체(도 2에 제시된 것들 포함)를 포함한다.

[0266] 일부 구현예에서, mAb-scFv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 포함하는 mAb-scFv 형식을 포함한다.

[0267] 일부 구현예에서, mAb-scFv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K,

FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 포함하는 mAb-scFv 형식을 포함한다.

[0268] 4. 2+1 Fab_2-scFv-Fc 형식

[0269] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는, CD3 결합 도메인과 2개의 종양 표적 항원(CLDN6) 결합 도메인의 예시적인 조합을 포함하는, 도 17b에 제시된 "2+1 Fab_2-scFv-Fc" 형식(이전의 관련 출원에서는 "중앙-scFv 형식"으로도 지칭됨)이다. 이러한 구현예에서, 상기 형식은 삽입된 scFv 도메인의 사용에 의존하여 제3 항원 결합 도메인을 형성하며, 여기서 2개의 단량체의 Fab 부분은 CLDN6에 결합하고, "추가" scFv 도메인은 CD3에 결합한다. scFv 도메인은 단량체 중 하나의 Fc 도메인과 CH1-Fv 영역 사이에 삽입되어, 제3 항원 결합 도메인을 제공한다. 기재된 바와 같이, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식을 갖는 CLDN6 x CD3 이중특이적 항체는 CLDN6을 낮은 수준으로 발현하는 세포 환경에서 재지시된 T세포 세포독성을 유도하는 데 강력하다. 나아가, 예에 제시된 바와 같이, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식을 갖는 CLDN6 x CD3 이중특이적 항체는, 이러한 항체가 사용되는 CLDN6 및/또는 CD3 결합 도메인에 따라 매우 다양한 상이한 특성을 나타내기 때문에 면역 반응의 "미세 조정"을 가능하게 한다. 예를 들어, 이러한 항체는 CLDN6 발현이 상이한 세포에 대한 선택성, CLDN6 발현 세포에 대한 역가, 사이토카인 방출을 이끌어내는 능력, 및 가용성 CLDN6에 대한 민감성의 차이를 나타낸다. 이러한 CLDN6 항체는, 예를 들어 CLDN6 관련 암의 치료에 사용된다.

[0270] 이러한 구현예에서, 하나의 단량체는 제1 가변 중쇄 도메인, CH1 도메인(및 선택적 힌지) 및 Fc 도메인을 포함하는 제1 중쇄와, scFv 가변 경쇄 도메인, scFv 링커 및 scFv 가변 중쇄 도메인을 포함하는 scFv를 포함한다. scFv는 선택적 도메인 링커를 사용하여 중쇄 불변 도메인의 CH1 도메인의 C-말단과 제1 Fc 도메인의 N-말단 사이에 공유결합으로 부착되어 있다(VH1-CH1-[선택적 링커]-VH2-scFv 링커-VL2-[힌지를 포함하는 선택적 링커]-CH2-CH3, 또는scFv에 대해 반대 배향으로, VH1-CH1-[선택적 링커]-VL2-scFv 링커-VH2-[힌지를 포함하는 선택적 링커]-CH2-CH3). 선택적 링커는, 예를 들어 도 6에 포함된 도메인 링커를 포함하는 임의의 적합한 펩타이드 링커일 수 있다. 일부 구현예에서, 선택적 링커는 힌지 또는 이의 단편이다. 다른 하나의 단량체는 표준 Fab 측이다(즉, VH1-CH1-힌지-CH2-CH3). 이러한 구현예는 CLDN6에 결합하는 2개의 동일한 Fab을 형성하기 위해 중쇄와 회합하는, 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 추가로 이용한다. 본원의 구현예 중 다수에서, 이러한 구조체는, 목적하는 경우, 본원에 기재된 바와 같은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체, 추가의 Fc 변이체 등을 포함한다.

[0271] 하나의 구현예에서, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체는 도 10에 도시된 CD3 결합 도메인 서열 또는 이의 변이체의 VH 및 VL을 갖는 scFv를 포함한다. 하나의 구현예에서, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체는 도 13 내지 도 15 및 도 18에 제시된 바와 같은 CLDN6 결합 도메인 또는 이의 변이체의 VH 및 VL을 갖는 2개의 Fab을 포함한다.

[0272] 예시적인 구현예에서, 이러한 구현예에 특히 사용되는 VH 및 VL CD3 결합 도메인 서열을 포함하는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc CLDN6 x CD3 이중특이적 항체의 CLDN6 결합 도메인에는, 비제한적으로, H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31 또는 이의 변이체뿐 아니라, 도 10에 도시된 것들, 및 WO2014/145806의 도 14 및 15에 도시된 것들이 포함되며, 상기 문헌은 범례를 포함하여 본원에 참조로 인용된다.

[0273] 임의의 적합한 CLDN6 ABD는 본원에 제공된 것들을 포함하는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체에 포함될 수 있다. 이러한 구현예에 특히 사용되는 CLDN6 ABD에는, 비제한적으로, 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH 도메인과 VL 도메인이 포함된다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4,

H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16, H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16_, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187,

H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2, H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2.

[0274] 특정 구현예에서, αCLDN6 ABD VH/VL 쌍은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187 또는 이의 변이체로 이루어지는 군에서 선택된다.

[0275] 또한, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식의 Fc 도메인은 비대칭 변이체(예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 아미노산 치환 세트, 여기서 특히 유용한 비대칭 변이체는 S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L, K370S : S364K/E357Q, T366S/L368A/Y407V : T366W 및 T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C로 이루어지는 군에서 선택됨), 선택적으로 절제 변이체(도 3에 제시된 것들 포함), 선택적으로 하전된 scFv 링커(도 5에 제시된 것들 포함)를 포함하고, 중쇄는 pI 변이체(도 2에 제시된 것들 포함)를 포함한다.

[0276] 일부 구현예에서, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체는 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체(Fab-scFv-Fc 측); b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체(Fab-Fc 측); 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 포함하는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식을 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다. 일부 구현예에서, αCLDN6 VH_VL 쌍은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187 또는 이의 변이체로 이루어지는 군에서 선택된다.

[0277] 일부 구현예에서, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체는 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체(Fab-scFv-Fc 측); b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체(Fab-Fc 측); 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 포함하는 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식을 포함하며, 여기서 넘버링은 EU 넘버링에 따른다. 일부 구현예에서, αCLDN6 VH_VL 쌍은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187 또는 이의 변이체로 이루어지는 군에서 선택된다. 이러한 구현예에 특히 사용되는 CD3 결합 도메인 서열에는, 비제한적으로, H1.30_L1.47, H1.32_L1.47, H1.89_L1.47, H1.90_L1.47, H1.33_L1.47, H1.31_L1.47, L1.47_H1.30, L1.47_H1.30, L1.47_H1.32, L1.47_H1.89, L1.47_H1.90, L1.47_H1.33 및 L1.47_H1.31 또는 이의 변이체가 포함된다.

[0278] 도 8a 내지 도 8c는, 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식에 유용한 일부 예시적인 Fc 도메인 서열을 보여준다. 도 8a 내지 도 8c에 도시된 "단량체 1" 서열은 전형적으로 "Fab-Fc 중쇄"의 Fc 도메인을 나타내고, "단량체 2" 서열은 "Fab-scFv-Fc 중쇄"의 Fc 도메인을 나타낸다. 나아가, 도 9는 이러한 형식으로 사용될 수 있는 유용한 CL 서열을 제공한다.

[0279] 예시적인 항-CLDN6 x 항-CD3 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc 형식 항체는 도 21, 도 22, 도 59 및 도 60에 도시되어 있다.

[0280] 5. 중앙-Fv

[0281] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는 중앙-Fv 형식이다(도 36i). 이러한 구현예에서, 상기 형식은 삽입된 Fv 도메인(즉, 중앙 Fv 도메인)의 사용에 의존하여 "추가" 제3 항원 결합 도메인을

형성하며, 여기서 2개의 단량체의 Fab 부분은 CLDN6에 결합하고, "추가" 중앙 Fv 도메인은 CD3에 결합한다. "추가" 중앙 Fv 도메인은 단량체의 Fc 도메인과 CH1-Fv 영역 사이에 삽입되어, 제3 항원 결합 도메인(즉, "추가" 중앙 Fv 도메인)을 제공하며, 여기서 각각의 단량체는 "추가" 중앙 Fv 도메인의 구성요소를 함유한다(즉, 하나의 단량체는 가변 중쇄 도메인을 포함하고, 다른 하나는 "추가" 중앙 Fv 도메인의 가변 경쇄 도메인을 포함함).

[0282] 이러한 구현예에서, 하나의 단량체는 제1 가변 중쇄 도메인, CH1 도메인 및 Fc 도메인을 포함하는 제1 중쇄와, 추가의 가변 경쇄 도메인을 포함한다. 경쇄 도메인은 도메인 링커를 사용하여 중쇄 불변 도메인의 CH1 도메인의 C-말단과 제1 Fc 도메인의 N-말단 사이에 공유결합으로 부착되어 있다(VH1-CH1-[선택적 링커]-VL2-힌지-CH2-CH3). 다른 하나의 단량체는 제1 가변 중쇄 도메인, CH1 도메인 및 Fc 도메인을 포함하는 제1 중쇄와, 추가의 가변 중쇄 도메인을 포함한다(VH1-CH1-[선택적 링커]-VH2-힌지-CH2-CH3). 경쇄 도메인은 도메인 링커를 사용하여 중쇄 불변 도메인의 CH1 도메인의 C-말단과 제1 Fc 도메인의 N-말단 사이에 공유결합으로 부착되어 있다.

[0283] 이러한 구현예는 각각 CLDN6에 결합하는 2개의 동일한 Fab을 형성하기 위해 중쇄와 회합하는, 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 추가로 이용한다. 본원의 구현예 중 다수에서, 이러한 구조체는, 목적하는 경우, 본원에 기재된 바와 같은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체, 추가의 Fc 변이체 등을 포함한다.

[0284] 본원에 기재된 항체는, CD3 결합 도메인 서열이 도 10에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체이고, CLDN6 결합 도메인 서열이 도 13, 도 14 및 도 15에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 중앙-Fv 형식을 제공한다.

[0285] 6. 1-아암 중앙-scFv

[0286] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는 1-아암 중앙-scFv 형식이다(도 36c). 이러한 구현예에서, 하나의 단량체는 Fc 도메인만 포함하지만, 다른 하나의 단량체는 Fab 도메인(제1 항원 결합 도메인), scFv 도메인(제2 항원 결합 도메인) 및 Fc 도메인을 포함하며, 여기서 scFv 도메인은 Fc 도메인과 Fc 도메인 사이에 삽입된다. 이러한 형식에서, Fab 부분은 하나의 수용체 표적에 결합하고, scFv는 또 다른 수용체 표적에 결합한다. 이러한 형식에서, Fab 부분 중 어느 하나는 CLDN6에 결합하고, scFv는 CD3에 결합하거나, 그 반대이다.

[0287] 이러한 구현예에서, 하나의 단량체는 제1 가변 중쇄 도메인, CH1 도메인 및 Fc 도메인을 포함하는 제1 중쇄와, scFv 가변 경쇄 도메인, scFv 링커 및 scFv 가변 중쇄 도메인을 포함하는 scFv를 포함한다. scFv는, 어느 배향으로든, 도메인 링커를 사용하여 중쇄 불변 도메인의 CH1 도메인의 C-말단과 제1 Fc 도메인의 N-말단 사이에 공유결합으로 부착되어 있다: VH1-CH1-[선택적 도메인 링커]-VH2-scFv 링커-VL2-[선택적 도메인 링커]-CH2-CH3 또는 VH1-CH1-[선택적 도메인 링커]-VL2-scFv 링커-VH2-[선택적 도메인 링커]-CH2-CH3. 제2 단량체는 Fc 도메인(CH2-CH3)을 포함한다. 이러한 구현예는 Fab을 형성하기 위해 중쇄와 회합하는, 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 추가로 이용한다.

[0288] 본원의 구현예 중 다수에서, 이러한 구조체는, 목적하는 경우, 본원에 기재된 바와 같은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체, 추가의 Fc 변이체 등을 포함한다.

[0289] 본원에 기재된 항체는, CD3 결합 도메인 서열이 도 10에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체이고, CLDN6 결합 도메인 서열이 도 13, 도 14 및 도 15에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 중앙-Fv 형식을 제공한다.

[0290] 또한, 1-아암 중앙-scFv 형식의 Fc 도메인은 일반적으로 비대칭 변이체(예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 아미노산 치환 세트, 여기서 특히 유용한 비대칭 변이체는 S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L, K370S : S364K/E357Q, T366S/L368A/Y407V : T366W 및 T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C로 이루어지는 군에서 선택됨), 선택적으로 절제 변이체(도 3에 제시된 것들 포함), 선택적으로 하전된 scFv 링커(도 5에 제시된 것들 포함)를 포함하고, 중쇄는 pI 변이체(도 2에 제시된 것들 포함)를 포함한다.

[0291] 일부 구현예에서, 1-아암 중앙-scFv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 1-아암 중앙-scFv 형식의 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 갖는 Fc 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 포함한

다.

[0292] 일부 구현예에서, 1-아암 중앙-scFv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 따라서, 1-아암 중앙-scFv 형식의 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S 및 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 FcRn 변이체 M428L/N434S를 갖는 Fc 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 포함한다.

[0293] 7. 1-아암 scFv-mAb

[0294] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는 1-아암 scFv-mAb 형식이다(도 36d). 이러한 구현예에서, 하나의 단량체는 Fc 도메인만 포함하지만, 다른 하나의 단량체는 일반적으로 링커의 사용을 통해, 중쇄의 N-말단에 부착된 scFv 도메인을 사용한다: VH-scFv 링커-VL-[선택적 도메인 링커]-CH1-힌지-CH2-CH3 또는 (반대 배향으로) VL-scFv 링커-VH-[선택적 도메인 링커]-CH1-힌지-CH2-CH3. 이러한 형식에서, Fab 부분은 각각 CLDN6에 결합하고, scFv는 CD3에 결합한다. 이러한 구현예는 Fab을 형성하기 위해 중쇄와 회합하는, 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 추가로 이용한다. 본원의 구현예 중 다수에서, 이러한 구조체는, 목적하는 경우, 본원에 기재된 바와 같은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체, 추가의 Fc 변이체 등을 포함한다.

[0295] 본원에 기재된 항체는, CD3 결합 도메인 서열이 도 10에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체이고, CLDN6 결합 도메인 서열이 도 13, 도 14 및 도 15에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 1-아암 scFv-mAb 형식을 제공한다.

[0296] 또한, 1-아암 scFv-mAb 형식의 Fc 도메인은 일반적으로 비대칭 변이체(예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 아미노산 치환 세트, 여기서 특히 유용한 비대칭 변이체는 S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L, K370S : S364K/E357Q, T366S/L368A/Y407V : T366W 및 T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C로 이루어지는 군에서 선택됨), 선택적으로 절제 변이체(도 3에 제시된 것들 포함), 선택적으로 하전된 scFv 링커(도 5에 제시된 것들 포함)를 포함하고, 중쇄는 pI 변이체(도 2에 제시된 것들 포함)를 포함한다.

[0297] 일부 구현예에서, 1-아암 scFv-mAb 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 1-아암 scFv-mAb 형식의 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K를 갖는 Fc 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 포함한다.

[0298] 일부 구현예에서, 1-아암 scFv-mAb 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 따라서, 1-아암 scFv-mAb 형식의 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S 및 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 FcRn 변이체 M428L/N434S를 갖는 Fc 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 경쇄를 포함한다.

[0299] 8. scFv-mAb

[0300] 본원에 기재된 항체에 특히 사용되는 하나의 이종이량체 스캐폴드는 mAb-scFv 형식이다(도 36e). 이러한 구현예에서, 상기 형식은 단량체 중 하나에 대한 scFv의 N-말단 부착의 사용에 의존하여 제3 항원 결합 도메인을 형성하며, 여기서 2개의 단량체의 Fab 부분은 CLDN6에 결합하고, "추가" scFv 도메인은 CD3에 결합한다.

[0301] 이러한 구현예에서, 제1 단량체는 scFv 가변 경쇄 도메인, scFv 링커 및 scFv 가변 중쇄 도메인을 포함하는 scFv가 어느 배향으로든 N-말단에 공유결합으로 부착되어 있는, 제1 중쇄(가변 중쇄 도메인과 불변 도메인을 포함함)를 포함한다((VH1-scFv 링커-VL1-[선택적 도메인 링커]- VH2-CH1-힌지-CH2-CH3) 또는 (scFv가 반대 배향

인 경우) (VL1-scFv 링커-VH1-[선택적 도메인 링커]-VH2-CH1-힌지-CH2-CH3)). 이러한 구현예는 CLDN6에 결합하는 2개의 동일한 Fab을 형성하기 위해 중쇄와 회합하는, 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 추가로 이용한다. 본원의 구현예 중 다수에서, 이러한 구조체는, 목적하는 경우, 본원에 기재된 바와 같은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체, 추가의 Fc 변이체 등을 포함한다.

[0302] 본원에 기재된 항체는, CD3 결합 도메인 서열이 도 10에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체이고, CLDN6 결합 도메인 서열이 도 13, 도 14 및 도 15에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 scFv-mAb 형식을 제공한다.

[0303] 또한, scFv-mAb 형식의 Fc 도메인은 일반적으로 비대칭 변이체(예를 들어, 도 1에 제시된 바와 같은 아미노산 치환 세트, 여기서 특히 유용한 비대칭 변이체는 S364K/E357Q : L368D/K370S; L368D/K370S : S364K; L368E/K370S : S364K; T411T/E360E/Q362E : D401K; L368D/K370S : S364K/E357L, K370S : S364K/E357Q, T366S/L368A/Y407V : T366W 및 T366S/L368A/Y407V/Y349C : T366W/S354C로 이루어지는 군에서 선택됨), 선택적으로 절제 변이체(도 3에 제시된 것들 포함), 선택적으로 하전된 scFv 링커(도 5에 제시된 것들 포함)를 포함하고, 중쇄는 pI 변이체(도 2에 제시된 것들 포함)를 포함한다.

[0304] 일부 구현예에서, scFv-mAb 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 포함하는 scFv-mAb 형식을 포함한다.

[0305] 일부 구현예에서, scFv-mAb 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인, 및 CD3에 결합하는 scFv 도메인을 포함하는 제1 단량체; b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 공통 경쇄의 가변 경쇄 도메인과 함께 본원에 개괄된 바와 같이 CLDN6에 결합하는 Fv를 구성하는 가변 중쇄 도메인을 포함하는 제2 단량체; 및 c) 가변 경쇄 도메인과 불변 경쇄 도메인을 포함하는 공통 경쇄를 포함하는 scFv-mAb 형식을 포함한다.

[0306] 9. 이중 scFv 형식

[0307] 본원에 기재된 항체는 또한 당업계에 공지된 바와 같은 이중 scFv 형식을 제공한다(도 36b). 이러한 구현예에서, CLDN6 x CD3 이종이량체성 이중특이적 항체는 2개의 scFv-Fc 단량체로 구성되어 있다(둘 모두 (VH-scFv 링커-VL-[선택적 도메인 링커]-CH2-CH3) 형식 또는 (VL-scFv 링커-VH-[선택적 도메인 링커]-CH2-CH3) 형식으로, 또는 하나의 단량체는 하나의 배향으로, 다른 하나의 단량체는 다른 하나의 배향으로).

[0308] 본원에 기재된 항체는, CD3 결합 도메인 서열이 도 10a 내지 도 10f에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체이고, CLDN6 결합 도메인 서열이 도 13 내지 도 15 및 도 18에 제시된 바와 같은 것 또는 이의 변이체인 이중 scFv 형식을 제공한다. 일부 구현예에서, 이중 scFv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 CD3 또는 CLDN6에 결합하는 제1 scFv를 포함하는 제1 단량체; 및 b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, 및 CD3 또는 CLDN6에 결합하는 제2 scFv를 포함하는 제2 단량체를 포함하는 이중 scFv 형식을 포함한다.

[0309] 일부 구현예에서, 이중 scFv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체, 절제 변이체 및 FcRn 변이체를 포함한다. 일부 구현예에서, 이중 scFv 형식은 비대칭 변이체, pI 변이체 및 절제 변이체를 포함한다. 따라서, 일부 구현예는, a) 비대칭 변이체 S364K/E357Q, 절제 변이체 E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 CD3 또는 CLDN6에 결합하는 제1 scFv를 포함하는 제1 단량체; 및 b) 비대칭 변이체 L368D/K370S, pI 변이체 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D, 절제 변이체E233P/L234V/L235A/G236del/S267K, FcRn 변이체 M428L/N434S, 및 CD3 또는 CLDN6에 결합하는 제2 scFv를 포함하는 제2 단량체를 포함하는 이중 scFv 형식을 포함한다.

[0310] 10. 비(non)이종이량체성 이중특이적 항체

[0311] 당업자가 이해할 수 있는 바와 같이, 본원에 제공된 항-CLDN6 x 항-CD3 항체는 또한 비이종이량체성 이중특이적 형식에 포함될 수 있다(도 36j 참조). 이러한 형식에서, 항-CLDN6 x 항-CD3은 1) VH1-CH1-힌지-CH2-CH3을 포함하는 제1 단량체; 2) VH2-CH1-힌지-CH2-CH3을 포함하는 제2 단량체; 3) VL1-CL을 포함하는 제1 경쇄; 및 4) VL2-CL을 포함하는 제2 경쇄를 포함한다. 이러한 구현예에서, VH1과 VL1은 제1 항원 결합 도메인을 형성하고, VH2와 VL2는 제2 항원 결합 도메인을 형성한다. 제1 항원 결합 도메인 또는 제2 항원 결합 도메인 중 하나는 CLDN6에 결합하고, 다른 하나의 항원 결합 도메인은 CD3에 결합한다.

[0312] 임의의 적합한 CLDN6 결합 도메인과 CD3 결합 도메인은 본원에 제공된 임의의 CLDN6 결합 도메인과 CD3 결합 도메인, 및 관련 VH와 VL, 또는 이의 변이체를 포함하는 비이종이량체성 이중특이적 항체 형식의 항-CLDN6 x 항-CD3 항체에 포함될 수 있다(예를 들어, 도 10, 도 13 내지 도 15 및 도 18 참조).

[0313] 11. 트라이던트 형식

[0314] 일부 구현예에서, 본원에 기재된 이중특이적 항체는 일반적으로 WO2015/184203(이는 그 전문이, 특히 "이종이량체 촉진 도메인(Heterodimer-Promoting Domain)" 또는 "HPD"의 도면, 범례, 정의 및 서열("K-coil" 및 "E-coil" 서열 포함)이 본원에 명백하게 참조로서 인용됨)에 기재된 바와 같은 "트라이던트" 형식으로 존재한다. 트라이던트는 구조의 구성요소로서 이종이량체 구조를 형성하기 위해 회합하는 2개의 상이한 HPD의 사용에 의존한다. 이러한 구현예에서, 트라이던트 형식은 "전형적인" 중쇄 및 경쇄(예를 들어, VH1-CH1-힌지-CH2-CH3 및 VL1-CL), 제1 "디아바디형 결합 도메인" 또는 "DART®", VH2-(링커)-VL3-HPD1을 포함하는 제3 사슬, 및 제2 DART®, VH3-(링커)-(링커)-VL2-HPD2를 포함하는 제4 사슬을 포함한다. VH1과 VL1은 제1 ABD를 형성하고, VH2와 VL2는 제2 ABD를 형성하고, VH3과 VL3은 제3 ABD를 형성한다. 일부 경우에, 제2 ABD와 제3 ABD는 동일한 항원에 결합하고(이러한 경우, 일반적으로 CLDN6에, 예를 들어 2가로 결합함), 제1 ABD는 CD3에 1가로 결합한다.

[0315] 임의의 적합한 CLDN6 결합 도메인과 CD3 결합 도메인은 본원에 제공된 임의의 CLDN6 결합 도메인과 CD3 결합 도메인, 및 관련 VH와 VL, 또는 이의 변이체를 포함하는 트라이던트 이중특이적 항체 형식의 항-CLDN6 x 항-CD3 항체에 포함될 수 있다(예를 들어, 도 10, 도 13 내지 도 15 및 도 18 참조).

[0316] 12. 단일특이적 단클론 항체

[0317] 당업자가 이해하는 바와 같이, 본원에 개괄된 신규한 CLDN6 ABD 서열은 또한 단일특이적 항체(예를 들어, "전형적인 단클론 항체") 또는 비이종이량체성 이중특이적 형식에 모두 사용될 수 있다. 따라서, 일부 구현예에서, 본원에 기재된 항체는 도면으로부터의 6개의 CDR 및/또는 vh 및 vl 서열을 포함하고, 일반적으로 IgG1, IgG2, IgG3 또는 IgG4 불변 영역을 갖고, 일부 구현예에서는 특히 IgG1, IgG2 및 IgG4(S228P 아미노산 치환을 포함하는 IgG4 불변 영역 포함)가 사용되는 단클론(단일특이적) 항체를 제공한다. 즉, "H_L" 지정을 갖는 임의의 서열은 인간 IgG1 항체의 불변 영역에 연결될 수 있다.

[0318] 본원에 제공된 CLDN6 ABD 중 임의의 것을 포함하는 임의의 적합한 CLDN6 ABD가 단일특이적 항체에 포함될 수 있다. 일부 구현예에서, 단일특이적 항체는 하기로 이루어지는 군에서 선택되는 VH_VL 쌍을 갖는 CLDN6 단일특이적 항체이다: H1_L1, H1.1_L1, H1.2_L1, H1.3_L1, H1.4_L1, H1.5_L1, H1.6_L1, H1.7_L1, H1.8_L1, H1.9_L1, H1.19_L1, H1.22_L1, H1.24_L1, H2_L1, H2.1_L1, H2.2_L1, H2.3_L1, H2.4_L1, H2.5_L1, H2.6_L1, H2.7_L1, H2.8_L1, H2.9_L1, H2.11_L1, H2.12_L1, H2.71_L1, H2.75_L1, H2.90_L1, H2.91_L1, H2.118_L1, H2.119_L1, H1_L1.1, H1.1_L1.1, H1.2_L1.1, H1.3_L1.1, H1.4_L1.1, H1.5_L1.1, H1.6_L1.1, H1.7_L1.1, H1.8_L1.1, H1.9_L1.1, H1.19_L1.1, H1.22_L1.1, H1.24_L1.1, H2_L1.1, H2.1_L1.1, H2.2_L1.1, H2.3_L1.1, H2.4_L1.1, H2.5_L1.1, H2.6_L1.1, H2.7_L1.1, H2.8_L1.1, H2.9_L1.1, H2.11_L1.1, H2.12_L1.1, H2.71_L1.1, H2.75_L1.1, H2.90_L1.1, H2.91_L1.1, H2.118_L1.1, H2.119_L1.1, H1_L1.4, H1.1_L1.4, H1.2_L1.4, H1.3_L1.4, H1.4_L1.4, H1.5_L1.4, H1.6_L1.4, H1.7_L1.4, H1.8_L1.4, H1.9_L1.4, H1.19_L1.4, H1.22_L1.4, H1.24_L1.4, H2_L1.4, H2.1_L1.4, H2.2_L1.4, H2.3_L1.4, H2.4_L1.4, H2.5_L1.4, H2.6_L1.4, H2.7_L1.4, H2.8_L1.4, H2.9, _L1.4 H2.11_L1.4, H2.12_L1.4, H2.71_L1.4, H2.75_L1.4, H2.90_L1.4, H2.91_L1.4, H2.118_L1.4, H2.119_L1.4, H1_L1.7, H1.1_L1.7, H1.2_L1.7, H1.3_L1.7, H1.4_L1.7, H1.5_L1.7, H1.6_L1.7, H1.7_L1.7, H1.8_L1.7, H1.9_L1.7, H1.19_L1.7, H1.22_L1.7, H1.24_L1.7, H2_L1.7, H2.1_L1.7, H2.2_L1.7, H2.3_L1.7, H2.4_L1.7, H2.5_L1.7, H2.6_L1.7, H2.7_L1.7, H2.8_L1.7, H2.9_L1.7, H2.11_L1.7, H2.12_L1.7, H2.71_L1.7, H2.75_L1.7, H2.90_L1.7, H2.91_L1.7, H2.118_L1.7, H2.119_L1.7, H1_ L1.16, H1.1_ L1.16, H1.2_ L1.16, H1.3_ L1.16,

H1.4_ L1.16, H1.5_ L1.16, H1.6_ L1.16, H1.7_ L1.16, H1.8_ L1.16, H1.9_ L1.16, H1.19_ L1.16, H1.22_ L1.16, H1.24_ L1.16, H2_ L1.16, H2.1_ L1.16, H2.2_ L1.16, H2.3_ L1.16, H2.4_ L1.16, H2.5_ L1.16, H2.6_ L1.16, H2.7_ L1.16, H2.8_ L1.16, H2.9_ L1.16, H2.11_ L1.16, H2.12_ L1.16, H2.71_ L1.16, H2.75_ L1.16, H2.90_ L1.16, H2.91_ L1.16, H2.118_ L1.16, H2.119_ L1.16, H1_ L1.18, H1.1_ L1.18, H1.2_ L1.18, H1.3_ L1.18, H1.4_ L1.18, H1.5_ L1.18, H1.6_ L1.18, H1.7_ L1.18, H1.8_ L1.18, H1.9_ L1.18, H1.19_ L1.18, H1.22_ L1.18, H1.24_ L1.18, H2_ L1.18, H2.1_ L1.18, H2.2_ L1.18, H2.3_ L1.18, H2.4_ L1.18, H2.5_ L1.18, H2.6_ L1.18, H2.7_ L1.18, H2.8_ L1.18, H2.9_ L1.18, H2.11_ L1.18, H2.12_ L1.18, H2.71_ L1.18, H2.75_ L1.18, H2.90_ L1.18, H2.91_ L1.18, H2.118_ L1.18, H2.119_ L1.18, H1_L1.19, H1.1_L1.19, H1.2_L1.19, H1.3_L1.19, H1.4_L1.19, H1.5_L1.19, H1.6_L1.19, H1.7_L1.19, H1.8_L1.19, H1.9_L1.19, H1.19_L1.19, H1.22_L1.19, H1.24_L1.19, H2_L1.19, H2.1_L1.19, H2.2_L1.19, H2.3_L1.19, H2.4_L1.19, H2.5_L1.19, H2.6_L1.19, H2.7_L1.19, H2.8_L1.19, H2.9_L1.19, H2.11_L1.19, H2.12_L1.19, H2.71_L1.19, H2.75_L1.19, H2.90_L1.19, H2.91_L1.19, H2.118_L1.19, H2.119_L1.19, H1_L1.21, H1.1_L1.21, H1.2_L1.21, H1.3_L1.21, H1.4_L1.21, H1.5_L1.21, H1.6_L1.21, H1.7_L1.21, H1.8_L1.21, H1.9_L1.21, H1.19_L1.21, H1.22_L1.21, H1.24_L1.21, H2_L1.21, H2.1_L1.21, H2.2_L1.21, H2.3_L1.21, H2.4_L1.21, H2.5_L1.21, H2.6_L1.21, H2.7_L1.21, H2.8_L1.21, H2.9_L1.21, H2.11_L1.21, H2.12_L1.21, H2.71_L1.21, H2.75_L1.21, H2.90_L1.21, H2.91_L1.21, H2.118_L1.2, H2.119_L1.21, H1_L1.22, H1.1_L1.22, H1.2_L1.22, H1.3_L1.22, H1.4_L1.22, H1.5_L1.22, H1.6_L1.22, H1.7_L1.22, H1.8_L1.22, H1.9_L1.22, H1.19_L1.22, H1.22_L1.22, H1.24_L1.22, H2_L1.22, H2.1_L1.22, H2.2_L1.22, H2.3_L1.22, H2.4_L1.22, H2.5_L1.22, H2.6_L1.22, H2.7_L1.22, H2.8_L1.22, H2.9_L1.22, H2.11_L1.22, H2.12_L1.22, H2.71_L1.22, H2.75_L1.22, H2.90_L1.22, H2.91_L1.22, H2.118_L1.22, H2.119_L1.22, H1_L1.23, H1.1_L1.23, H1.2_L1.23, H1.3_L1.23, H1.4_L1.23, H1.5_L1.23, H1.6_L1.23, H1.7_L1.23, H1.8_L1.23, H1.9_L1.23, H1.19_L1.23, H1.22_L1.23, H1.24_L1.23, H2_L1.23, H2.1_L1.23, H2.2_L1.23, H2.3_L1.23, H2.4_L1.23, H2.5_L1.23, H2.6_L1.23, H2.7_L1.23, H2.8_L1.23, H2.9_L1.23, H2.11_L1.23, H2.12_L1.23, H2.71_L1.23, H2.75_L1.23, H2.90_L1.23, H2.91_L1.23, H2.118_L1.23, H2.119_L1.23, H1_L1.27, H1.1_L1.27, H1.2_L1.27, H1.3_L1.27, H1.4_L1.27, H1.5_L1.27, H1.6_L1.27, H1.7_L1.27, H1.8_L1.27, H1.9_L1.27, H1.19_L1.27, H1.22_L1.27, H1.24_L1.27, H2_L1.27, H2.1_L1.27, H2.2_L1.27, H2.3_L1.27, H2.4_L1.27, H2.5_L1.27, H2.6_L1.27, H2.7_L1.27, H2.8_L1.27, H2.9_L1.27, H2.11_L1.27, H2.12_L1.27, H2.71_L1.27, H2.75_L1.27, H2.90_L1.27, H2.91_L1.27, H2.118_L1.27, H2.119_L1.27, H1_L1.60, H1.1_L1.60, H1.2_L1.60, H1.3_L1.60, H1.4_L1.60, H1.5_L1.60, H1.6_L1.60, H1.7_L1.60, H1.8_L1.60, H1.9_L1.60, H1.19_L1.60, H1.22_L1.60, H1.24_L1.60, H2_L1.60, H2.1_L1.60, H2.2_L1.60, H2.3_L1.60, H2.4_L1.60, H2.5_L1.60, H2.6_L1.60, H2.7_L1.60, H2.8_L1.60, H2.9_L1.60, H2.11_L1.60, H2.12_L1.60, H2.71_L1.60, H2.75_L1.60, H2.90_L1.60, H2.91_L1.60, H2.118_L1.60, H2.119_L1.60, H1_L1.107, H1.1_L1.107, H1.2_L1.107, H1.3_L1.107, H1.4_L1.107, H1.5_L1.107, H1.6_L1.107, H1.7_L1.107, H1.8_L1.107, H1.9_L1.107, H1.19_L1.107, H1.22_L1.107, H1.24_L1.107, H2_L1.107, H2.1_L1.107, H2.2_L1.107, H2.3_L1.107, H2.4_L1.107, H2.5_L1.107, H2.6_L1.107, H2.7_L1.107, H2.8_L1.107, H2.9_L1.107, H2.11_L1.107, H2.12_L1.107, H2.71_L1.107, H2.75_L1.107, H2.90_L1.107, H2.91_L1.107, H2.118_L1.107, H2.119_L1.107, H1_L1.114, H1.1_L1.114, H1.2_L1.114, H1.3_L1.114, H1.4_L1.114, H1.5_L1.114, H1.6_L1.114, H1.7_L1.114, H1.8_L1.114, H1.9_L1.114, H1.19_L1.114, H1.22_L1.114, H1.24_L1.114, H2_L1.114, H2.1_L1.114, H2.2_L1.114, H2.3_L1.114, H2.4_L1.114, H2.5_L1.114, H2.6_L1.114, H2.7_L1.114, H2.8_L1.114, H2.9_L1.114, H2.11_L1.114, H2.12_L1.114, H2.71_L1.114, H2.75_L1.114, H2.90_L1.114, H2.91_L1.114, H2.118_L1.114, H2.119_L1.114, H1_L1.187, H1.1_L1.187, H1.2_L1.187, H1.3_L1.187, H1.4_L1.187, H1.5_L1.187, H1.6_L1.187, H1.7_L1.187, H1.8_L1.187, H1.9_L1.187, H1.19_L1.187, H1.22_L1.187, H1.24_L1.187, H2_L1.187, H2.1_L1.187, H2.2_L1.187, H2.3_L1.187, H2.4_L1.187, H2.5_L1.187, H2.6_L1.187, H2.7_L1.187, H2.8_L1.187, H2.9_L1.187, H2.11_L1.187, H2.12_L1.187, H2.71_L1.187, H2.75_L1.187, H2.90_L1.187, H2.91_L1.187, H2.118_L1.187, H2.119_L1.187, H1_L1.189, H1.1_L1.189, H1.2_L1.189, H1.3_L1.189, H1.4_L1.189, H1.5_L1.189, H1.6_L1.189, H1.7_L1.189, H1.8_L1.189, H1.9_L1.189, H1.19_L1.189, H1.22_L1.189, H1.24_L1.189, H2_L1.189, H2.1_L1.189, H2.2_L1.189, H2.3_L1.189, H2.4_L1.189, H2.5_L1.189, H2.6_L1.189, H2.7_L1.189, H2.8_L1.189, H2.9_L1.189, H2.11_L1.189, H2.12_L1.189, H2.71_L1.189, H2.75_L1.189, H2.90_L1.189, H2.91_L1.189, H2.118_L1.189, H2.119_L1.189, H1_L2, H1.1_L2, H1.2_L2, H1.3_L2, H1.4_L2, H1.5_L2, H1.6_L2, H1.7_L2, H1.8_L2, H1.9_L2, H1.19_L2, H1.22_L2, H1.24_L2, H2_L2, H2.1_L2, H2.2_L2, H2.3_L2, H2.4_L2, H2.5_L2, H2.6_L2, H2.7_L2, H2.8_L2, H2.9_L2, H2.11_L2, H2.12_L2, H2.71_L2, H2.75_L2,

H2.90_L2, H2.91_L2, H2.118_L2 및 H2.119_L2 또는 이의 변이체.

[0319] 특정 단클론 구현예에서, VH_VL 쌍은 H1.9_L1.187, H1.24_L1.187, H2.91_L1.187 및 H1.9_L1.187 또는 이의 변이체로 이루어지는 군에서 선택된다.

[0320] E. 본 발명의 특정 구현예

[0321] 본 발명은 특히 CD3과 CLDN6에 결합하는 1+1 형식과 2+1 형식을 제공한다.

[0322] 1. 1 + 1 형식

[0323] 특정 1+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H1.9_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0324] 특정 1+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H1.24_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0325] 특정 1+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H2.91_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0326] 특정 1+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H1.9_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0327] 2. 2 + 1 형식

[0328] 특정 2+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H1.9_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0329] 특정 2+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H1.24_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0330] 특정 2+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H2.91_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0331] 특정 2+1 형식 구현예에서, αCLDN6 ABD는 Fab이며 VH_VL 쌍 H1.9_L1.187을 갖고, αCD3 ABD는 항-CD3 H1.30_L1.47, 항-CD3 H1.32_L1.47, 항-CD3 H1.89_L1.47, 항-CD3 H1.90_L1.47, 항-CD3 H1.33_L1.47, 항-CD3 H1.31_L1.47, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.30, 항-CD3 L1.47_H1.32, 항-CD3 L1.47_H1.89, 항-CD3 L1.47_H1.90, 항-CD3 L1.47_H1.33 및 항-CD3 L1.47_H1.31로 이루어지는 군에서 선택되는 scFv이다.

[0332] V. 본 발명의 핵산

[0333] 본 개시내용은, 비제한적으로, 항-CLDN6 x 항-CD3 이중특이적 항체 및 CLDN6 단일특이적 항체를 포함하는, 본원에 제공된 항-CLDN6 항체를 인코딩하는 핵산 조성물을 추가로 제공한다.

[0334] 당업자가 이해하는 바와 같이, 핵산 조성물은 이종이량체 단백질의 형식 및 스캐폴드에 따라 달라질 것이다. 따라서, 예를 들어, 해당 형식이 1+1 Fab-scFv-Fc 형식과 같이 3개의 아미노산 서열(예를 들어, Fc 도메인과

scFv를 포함하는 제1 아미노산 단량체, 중쇄를 포함하는 제2 아미노산 단량체 및 경쇄)을 필요로 하는 경우, 3개의 핵산 서열은 발현을 위해 하나 이상의 발현 벡터에 혼입될 수 있다. 유사하게, 일부 형식(예를 들어, 도1에 개시된 바와 같은 이중 scFv 형식)은 2개의 핵산만을 필요로 하며; 다시 말하면, 이들은 1개 또는 2개의 발현 벡터에 도입될 수 있다.

[0335] 당업계에 공지된 바와 같이, 본원에 기재된 항체의 구성요소를 인코딩하는 핵산은 당업계에 공지된 바와 같이, 및 본원에 기재된 이종이량체 항체를 생산하는 데 사용되는 숙주세포에 따라 발현 벡터에 혼입될 수 있다. 일반적으로, 상기 핵산은 임의의 수의 조절 요소(프로모터, 복제 기점, 선택 가능한 마커, 리보솜 결합 부위, 유도제 등)에 작동 가능하게 연결된다. 발현 벡터는 염색체외 벡터 또는 통합 벡터일 수 있다.

[0336] 이어서, 본원에 기재된 항체의 핵산 및/또는 발현 벡터는 포유류 세포, 박테리아 세포, 효모 세포, 곤충 세포 및/또는 진균 세포를 포함하는 당업계에 널리 공지된 바와 같은 임의의 수의 상이한 유형의 숙주세포로 형질전환되며, 여기서 포유류 세포(예를 들어, CHO 세포)가 다수의 구현예에서 사용된다.

[0337] 일부 구현예에서, 형식에 따라 적용 가능한 경우, 각각의 단량체를 인코딩하는 핵산과 경쇄를 인코딩하는 선택적 핵산은, 일반적으로 상이하거나 동일한 프로모터 제어 하에서 단일 발현 벡터 내에 각각 함유되어 있다. 본원에 기재된 항체의 특정 용도의 구현예에서, 이들 2개 또는 3개의 핵산은 각각 상이한 발현 벡터에 함유되어 있다. 본원 및 62/025,931(이는 본원에 참조로서 인용됨)에 제시된 바와 같이, 이종이량체 형성을 유도하는 데 상이한 벡터 비가 사용될 수 있다. 즉, 놀랍게도, (이종이량체 항체를 포함하는 3개의 폴리펩타이드를 갖는 본원의 구현예 중 다수의 경우) 단백질은 제1 단량체:제2 단량체:경쇄를 1:1:2의 비로 포함하지만, 이러한 비가 최고의 결과를 생성하는 비는 아니다.

[0338] 본원에 기재된 이종이량체 항체는 당업계에 널리 공지된 바와 같이 발현 벡터(들)을 포함하는 숙주세포를 배양하는 방식으로 제조된다. 생산되면, 이온 교환 크로마토그래피 단계를 포함하는 통상적인 항체 정제 단계가 수행된다. 본원에 논의된 바와 같이, 2개의 단량체의 pI를 적어도 0.5만큼 차이나게 하면, 이온 교환 크로마토그래피, 등전점 전기영동 또는 등전점에 민감한 다른 방법에 의한 분리를 가능하게 할 수 있다. 즉, pI 치환의 포함은 각각의 단량체가 상이한 pI를 갖고 이종이량체가 또한 별개의 pI를 갖도록 각각의 단량체의 등전점(pI)을 변경시키며, 따라서 "1+1 Fab-scFv-Fc " 및 "2+1" 이종이량체의 등전위 정제(예를 들어, 음이온 교환 컬럼, 양이온 교환 컬럼)를 용이하게 한다. 이러한 치환은 또한 정제 후 임의의 오염된 이중 scFv-Fc 및 mAb 동종이량체의 측정 및 모니터링에 도움을 준다(예를 들어, IEF 겔, cIEF 및 분석용 IEX 컬럼).

[0339] VI. 이종이량체성 이중특이적 항체의 생물학적 및 생화학적 기능성

[0340] 일반적으로, 본원에 기재된 이중특이적 CLDN6 x CD3 항체가 암을 앓고 있는 환자에게 투여되고, 본원에 기재되는 바와 같은 다수의 방법으로 효능이 평가된다. 따라서, 암 부하, 종양의 크기, 전이의 존재 또는 정도의 평가 등과 같은 효능의 표준 검정이 수행될 수 있으나, 면역종양학 치료는 또한 면역 상태 평가에 기초하여 평가될 수 있다. 이는 시험관내 검정 및 생체내 검정을 포함하는 다수의 방식으로 수행될 수 있다.

[0341] VII. 치료

[0342] 제조되면, 본원에 기재된 항체의 조성물은 다수의 적용분야에 사용된다. CLDN6은 신세포암종에서 고도로 발현되기 때문에, 본원에 기재된 항체의 이종이량체 조성물은 이러한 CLDN6 양성 암의 치료에 사용된다.

[0343] VIII. 생체내 투여용 항체 조성물

[0344] 본원에 기재된 항체에 따라 사용되는 항체의 제형은 목적하는 정도의 순도를 갖는 항체와 선택적인 약학적으로 허용 가능한 담체, 부형제 또는 안정화제를 혼합하는 방식으로(문헌[Remington's Pharmaceutical Sciences 16th edition, Osol, A. Ed. [1980]]), 보관을 위해 동결건조된 제형 또는 수용액의 형태로 제조된다.

[0345] IX. 투여 방식

[0346] 본원에 기재된 항체 및 화학요법제는 볼루스로서의 정맥내 투여 또는 일정 기간에 걸친 연속 주입과 같은 공지된 방법에 따라 대상에게 투여된다.

[0347] X. 치료 방식

[0348] 본원에 기재된 방법에서, 요법은 질환 또는 병태에 대하여 긍정적인 치료 반응을 제공하기 위해 사용된다. "긍정적인 치료 반응"은 질환 또는 병태의 개선, 및/또는 질환 또는 병태와 관련된 증상의 개선을 의미한다. 예를 들어, 긍정적인 치료 반응은 질환에서 다음 개선 중 하나 이상을 나타낼 수 있다: (1) 신생물 세포 수의 감소;

(2) 신생물 세포 사멸의 증가; (3) 신생물 세포 생존의 저해; (5) 종양 성장의 저해(예를 들어, 어느 정도의 지연, 바람직하게는 중단); (6) 환자 생존율의 증가; 및 (7) 질환 또는 병태와 관련된 하나 이상의 증상의 어느 정도 경감.

[0349] 임의의 주어진 질환 또는 병태에서 긍정적인 치료 반응은 해당 질환 또는 병태에 대하여 특정한 표준화된 반응 기준에 따라 결정될 수 있다. 종양 반응은 자기 공명 영상화(MRI) 스캔, x-선 촬영 영상화, 전산화 단층촬영(CT) 스캔, 뼈 스캔 영상화, 내시경검사, 및 골수 흡인(BMA) 및 순환하는 종양 세포의 계수를 포함하는 종양 생검 샘플링과 같은 스크리닝 기법을 사용하여, 종양 형태(즉, 전체적인 종양 부담, 종양 크기 등)의 변화로 평가될 수 있다.

[0350] 이러한 긍정적인 치료 반응에 더하여, 요법을 받는 대상은 질환과 관련된 증상의 유익한 개선 효과를 경험할 수 있다.

[0351] 본 개시내용에 따른 치료는 사용되는 약제의 "치료적 유효량"을 포함한다. "치료적 유효량"은 목적하는 치료 결과를 달성하는 데 필요한 투여량으로 필요한 기간 동안 효과적인 양을 나타낸다.

[0352] 치료적 유효량은 개체의 질환 상태, 연령, 성별 및 체중, 및 개체에서 목적하는 반응을 이끌어내는 약제의 능력과 같은 요인에 따라 달라질 수 있다. 치료적 유효량은 치료적으로 유익한 효과가 항체 또는 항체 부분의 임의의 독성 또는 유해한 효과를 능가하는 양이다.

[0353] 종양 치료를 위한 "치료적 유효량"은 또한 질환의 진행을 안정화시키는 능력으로 측정될 수 있다. 암을 저해하는 화합물의 능력은 인간 종양에서의 효능을 예측하는 동물 모델 시스템에서 평가될 수 있다.

[0354] 대안적으로, 조성물의 이러한 특성은 숙련된 의사에게 공지된 시험관내 검정에 따라 세포 성장을 저해하거나 세포자멸사를 유도하는 화합물의 능력을 조사하는 방식으로 평가될 수 있다. 치료적 유효량의 치료용 화합물은 종양 크기를 감소시키거나, 다르게는 대상의 증상을 개선시킬 수 있다. 당업자는 대상의 크기, 대상의 증상의 중증도, 및 선택된 특정 조성물 또는 투여 경로와 같은 이러한 요인을 기반으로 이러한 양을 결정할 수 있을 것이다.

[0355] 투여 방식은 최적의 목적하는 반응(예를 들어, 치료 반응)을 제공하도록 조정된다. 예를 들어, 단일 볼루스가 투여될 수 있으며, 여러 번으로 분할된 용량이 시간에 걸쳐 투여될 수 있거나, 또는 치료 상황의 긴급성에 따라 용량이 비례적으로 감소되거나 증가될 수 있다. 비경구 조성물은 투여의 용이성 및 투여량의 균일성을 위해 단위 투여 형태로 제형화될 수 있다. 본원에 사용된 단위 투여 형태는 치료하고자 하는 대상을 위한 단일 투여량으로서 적합한 물리적으로 구분된 단위를 나타내며; 각각의 단위는 필요한 약학적 담체와 함께 목적하는 치료 효과를 생성하도록 계산된 선결된 양의 활성 화합물을 함유한다.

[0356] 본 개시내용의 단위 투여 형태에 대한 사양은 (a) 활성 화합물의 고유한 특성 및 달성하고자 하는 특정 치료 효과, 및 (b) 개체의 감수성 치료를 위해 이러한 활성 화합물을 컴파운딩하는 기술에 내재된 한계에 의해 결정되고, 이에 직접적으로 의존한다.

[0357] 본원에 기재된 이중특이적 항체에 대한 효율적인 투여량 및 투여 방식은 치료하고자 하는 질환 또는 병태에 따라 달라지며, 당업자에 의해 결정될 수 있다.

[0358] 본원에 기재된 항체에 사용되는 이중특이적 항체의 치료적 유효량의 예시적인 비제한적인 범위는 약 0.1 mg/kg 내지 100 mg/kg이다.

[0359] 모든 인용된 참고문헌은 그 전문이 명백하게 본원에 참조로서 인용된다.

[0360] 본 개시내용의 특정 구현예가 예시의 목적으로 상기 기재되었지만, 당업자는 첨부된 청구범위에 기재된 바에서 벗어나지 않는 한 세부사항에 대한 다수의 변형이 이루어질 수 있다는 것을 이해할 것이다.

[0361] **실시예**

[0362] A. 실시예 1: αCLDN6 x αCD3 이중특이적 항체의 조작

[0363] 상이한 CD3 결합 친화성을 갖는 CD3 결합 도메인의 서열은 도 10에 도시되어 있다. CLDN6 결합 도메인의 서열은 도 14 및 도 15에 도시되어 있다. αCLDN6 x αCD3 이중특이적 항체(bsAb)에 대한 다수의 형식이 고안되었으며, 이에 대한 예시적인 형식은 하기 및 도 17에 개괄되어 있다.

[0364] 하나의 이러한 형식은 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식으로, 이는 제1 이종이량체 Fc 도메인에 공유결합으로 부착된 단

일 사슬 Fv("scFv"), 상보적인 제2 이종이량체 Fc 도메인에 공유결합으로 부착된 중쇄 가변 영역(VH), 및 가변 중쇄 도메인과 함께 Fab 도메인을 형성하도록 별도로 트랜스펙션된 경쇄(LC)를 포함한다.

[0365] 또 다른 형식은 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식으로, 이는 제1 이종이량체 Fc 도메인에 공유결합으로 부착된 scFv에 공유결합으로 부착된 CH1 도메인에 공유결합으로 부착된 VH 도메인(VH-CH1-scFv-Fc), 상보적인 제2 이종이량체 Fc 도메인에 공유결합으로 부착된 VH 도메인, 및 VH 도메인과 함께 Fab 도메인을 형성하도록 별도로 트랜스펙션된 LC를 포함한다.

[0366] 표준 유전자 합성에 이어, 등온 클로닝(깁슨 어셈블리(Gibson assembly)) 또는 융합 파트너(예를 들어, 도 6에 도시된 바와 같은 도메인 링커 및/또는 도 7 내지 도 9에 도시된 바와 같은 백본)를 함유하는 pTT5 발현 벡터에의 서브클로닝을 통해 αCLDN6 x αCD3 bsAb의 DNA 인코딩 사슬을 생성하였다. 발현을 위해 DNA를 HEK293E 세포에 트랜스펙션시켰다. 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식 및 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식의 예시적인 αCLDN6 x αCD3 bsAb(상기 기재된 바와 같은 결합 도메인을 기반으로 함)에 대한 서열은, 각각, 도 19 내지 도 22에 도시되어 있다.

[0367] B. 실시예 2: 선택성을 증강시키기 위한 CLDN6 결합 도메인의 조작

[0368] 단백질의 클라우딘 패밀리는 다수의 다른 클라우딘을 포함한다. CLDN6에 대한 다양한 클라우딘 서열의 Jukes-Cantor 거리는 하기와 같이 결정되었다: CLDN9(0.32), CLDN4(0.51), CLDN3(0.52), CLDN5(0.64), CLDN8(0.8) 및 CLDN17(0.82). CLDN6과 비교하여, CLDN9는 건강한 조직(예를 들어, 자궁경부 및 식도)에서 더 고도로 발현되기 때문에, CLDN6 치료제와 CLDN9의 교차 반응성은 표적외 독성을 유발할 수 있다. 하지만, Jukes-Cantor 거리가 단지 0.32이고 96% 동일성을 갖는 것에 더하여, CLDN6과 CLDN9는 세포외 루프 내 단지 3개의 잔기만 상이하기 때문에(도 12에 도시된 바와 같음); CLDN9보다 CLDN6에 선택적으로 결합할 수 있는 항체를 개발하는 것은 중요한 과제이다. 따라서, 본 섹션은 본 발명의 αCLDN6 x αCD3 bsAb에 사용하기에 적합한(최소한의 교차 반응성을 갖는) CLDN6 결합 도메인의 식별 및 조작을 설명한다. 또한, 미국 특허 제10,233,253호에 기재된 선행 기술의 CLDN6 결합 도메인을 비교 기준(XENP26863에서와 같은 2가 mAb 형식 및 XENP26849에서와 같은 CD3 High scFv를 갖는 1 + 1 Fab-scFv-Fc bsAb 형식; 서열은 도 18에 도시되어 있음)으로 사용하였다.

[0369] CLDN6 결합 도메인을 스크리닝하기 위해 사용된 하기 실험은 일반적으로 하기와 같이 수행하였다. CLDN6, CLND9 또는 다른 관심 표적을 발현하도록 HEK293T 또는 HEK293E 세포를, 각각, 안정적으로 또는 일시적으로 트랜스펙션시켰다. 트랜스펙션 48시간 후, 세포를 수확하고, 지시된 시험 물품의 희석액과 함께 4℃에서 1시간 동안 인큐베이션하였다. 다음으로, 세포를 세척하고, 2차 항체(전형적으로 항인간 Fc AlexaFluor647)로 4℃에서 1시간 동안 염색한 후, 2회 더 세척하였다. 이어서, 유세포분석을 통해 결합을 평가하였다.

[0370] 1. CLDN9보다 CLDN6에 대해 선택성인 CLDN6 결합 도메인의 식별

[0371] 6개의 쥣과 항-CLDN6 mAb를 CLDN6 및 CLDN9에 대한 결합뿐 아니라, 클라우딘 패밀리의 다른 구성원인 CLDN3 및 CLDN4에 대한 결합에 대해 조사하였다. 도 23은, 트랜스펙션된 세포에 대한 mAb의 결합을 도시한 것이다. EC50 값과 AUC(결합 곡선하 면적)를 비교하여 표적에 대한 특이성을 결정하였다. 데이터는, 클론 C6-10, C6-15 및 C6-21이 CLDN9보다 CLDN6에 대해 선택적이지 않았음을 보여준다. 또한, 클론 C6-10은 CLDN4에 대한 일부 결합도 나타냈다. 특히, 클론 C6-11, C6-24 및 C6-30은, CLDN9보다 CLDN6에 대해 선택성을 나타냈으며, CLDN3 및 CLDN4에 대해서는 결합을 나타내지 않거나 거의 나타내지 않았다.

[0372] 2. CLDN6 결합 도메인의 인간화

[0373] C6-11, C6-24 및 C6-30의 가변 영역을 문자열 내용 최적화(string content optimization)를 사용하여 인간화시켰다(예를 들어, 2010년 2월 2일자 발행된 미국 특허 제7,657,380호 참조). 각각의 클론에 대하여, 2개의 인간화 가변 중쇄 도메인(즉, H1 및 H2)과 2개의 인간화 가변 경쇄 도메인(즉, L1 및 L2)을 조작하고, 쌍을 만들었다(즉, H1L1, H1L2, H2L1, H2L2). 인간화 C6-30 가변 도메인 및 이러한 도메인에 기반한 2가 mAb의 서열은, 각각, 도 14 및 도 16에 도시되어 있다(XENP34218, XENP34219, XENP34220 및 XENP34221). CLDN3, CLDN4, CLDN6 및 CLDN9에 대한 인간화 클론의 결합을 조사하여 인간화가 결합 프로파일에 영향을 미치는지 여부를 결정하였으며, 이는 도 24 내지 도 26에 도시되어 있다. 클론 C6-30과 C6-24의 모든 인간화 변이체는 이의 쥣과 전구체와 동등한 결합 프로파일을 나타냈다. 예상치 못하게, 클론 C6-11의 모든 인간화 변이체는 바람직하지 않게 CLDN4에 대해 증가된 결합을 나타냈다.

[0374] 3. 분해 경향성이 있는 잔기를 제거하기 위한 조작

[0375] C6-30의 서열을 분해 경향성에 대해 조사하였다. 중쇄 CDR2는 이성질화 모티프로 D52/P52a를 포함하고; 탈아미드화 모티프로 N54/G55와 탈아미드화 모티프로 Q64/G75를 포함하고 있었다. 따라서, CLDN6 결합 및 선택성에 영향을 미치지 않으면서 이러한 경향성을 제거할 수 있는지를 조사하기 위해 이러한 잔기에 돌연변이를 갖는 라이브러리를 제작하였다. 도 27은, 조사된 변이체뿐 아니라, 일반적으로 상기 기재된 바와 같은 CLDN6 및 CLDN9에 대한 이들의 결합을 도시한 것이다. 데이터는, 선택성을 유지한 변이체 중 다수가 CLDN6에 대해 감소된 결합을 나타냈음을 보여준다. 특히, G55A는 CLDN6 결합에 대한 손실을 최소화하면서 선택성을 유지하였다.

[0376] 4. 이중특이적 항체와 관련한 교차 반응성에 대한 CLDN6 결합 도메인의 특징분석

[0377] 상기 기재된 인간화 CLDN6 결합 도메인과 실시예 1에 기재된 바와 같은 CD3 결합 도메인을 사용하여 (실시예 1에 기재된 바와 같이) 두 가지 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식과 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식의 프로토타입 αCLDN6 x αCD3 이중특이적 항체(bsAb)를 조작하고 생성하였다.

[0378] 임상 개발의 용이성을 위해(예를 들어, 모델 동물에서 치료제를 조사하기 위해), 마우스 및/또는 시노몰구스 원숭이 항원에 대해 교차 반응성이 있는 결합 도메인이 유용하다. 따라서, 프로토타입 αCLDN6 x αCD3 bsAb를 인간 CLDN6, 시노몰구스 원숭이 CLDN6 및 쥣과 CLDN6에 대한 이들의 결합에 대해 조사하였다. 도 28에 제시된 바와 같이, 각각의 프로토타입 bsAb는 인간, 시노몰구스 원숭이 및 마우스 CLDN6에 결합할 수 있었다.

[0379] 다음으로, CLDN6 결합 도메인을 이중특이적 항체로 구성하는 것이 CLDN9보다 CLDN6에 대한 이들의 선택성에 영향을 미치지 않았음을 확인하기 위해 프로토타입 bsAb의 결합에 대해 조사하였다. 선택성은 CLDN9/CLDN6 EC50 비에 따라 결정하였다. 도 29에 제시된 바와 같이, 이중특이적 항체는 각각 CLDN9보다 CLDN6에 대한 선택성을 유지했지만, C6-30을 기반으로 하는 항체는 더 선택적이었다. 특히, 또한 인간화 C6-24는 1 + 1 Fab-scFv-Fc 형식과 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식 모두에서 유사한 선택성을 나타냈지만, 인간화 C6-30 변이체는 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식에서 추가로 증강된 선택성을 나타냈다.

[0380] 또한, CLDN6 I143V 아이소타입에 대한 결합을 조사하였는데, 이러한 변이체가 집단의 약 30%에서 확인되었기 때문이며, 데이터는, 각각의 변이체가 I143V 아이소타입에 결합할 수 있었음을 보여준다.

[0381] 5. 증강된 CLDN6 선택성을 위한 조작

[0382] 특히 2 + 1 Fab_2-scFv-Fc와 관련하여 이미 양호한 선택성을 나타낸 인간화 C6-30(H1L1과 H2L1 모두)을 선택성을 증강시키기 위해 조작하였다. 조작의 첫 번째 회차에서, 가변 중쇄 또는 가변 경쇄 도메인에 단일 점 돌연변이를 도입하여, 2가 mAb로 구성된 약 300개 변이체의 라이브러리를 생성하였다. 각각의 mAb를 30 μg/ml의 단일 농도로 (트랜스펙션된 세포에서) CLDN6 및 CLDN9에 대한 결합에 대해 스크리닝하였다. 대부분의 점 돌연변이는 CLDN6 및 CLDN9 둘 모두에 유사한 영향을 나타냈다(예를 들어, 둘 모두에 대해 개선된 결합 또는 둘 모두에 대해 감소된 결합). 그럼에도 불구하고, CLDN9에 대한 결합은 감소시키면서, CLDN6에 대한 결합은 유지하거나 심지어 개선시키는 것으로 확인된 몇몇 점 돌연변이가 있었다(더 높은 CLDN6 MFI 값 및 더 낮은 CLDN9 MFI 값으로의 비대칭으로 표시됨; 도 30에서 원으로 표시됨). CLDN6 및 CLDN9에 대한 이러한 변이체의 결합을 2개의 별개의 실험에서 다양한 농도로 다시 조사하였으며, EC50 및 CLDN9/CLDN6 EC50 비에 대한 데이터는 도 31에 도시되어 있다. 트랜스펙션된 세포 상의 항원 밀도가 실험마다 다르기 때문에 실험의 결합 데이터를 일대일로 비교할 수 없다는 점에 유의해야 한다. 그럼에도 불구하고, 몇몇 변이체는 모 인간화 클론(즉, XENP34218_H1L1 및 XENP34220_H2L1) 및 비교 기준인 XENP26863과 비교하여 선택성이 증강되었다. H2_L1.60을 갖는 XENP35865와 같은 변이체 중 일부는 모 인간화 클론과 비교하여 더 약한 CLDN6 결합제였지만, 이들은 CLDN9보다 CLDN6에 대해 극적으로 증강된 선택성을 제공하는 훨씬 더 약한 CLDN9 결합제이기도 했다. 흥미롭게도, 각각 H2.8_L1 및 H2.9_L1을 갖는 XENP35101 및 XENP35102와 같은 몇몇 변이체는 CLDN6보다 CLDN9에 대해 극적으로 증강된 선택성을 나타냈다.

[0383] 다음으로, CLDN6 선택성에 있어서 최상의 개선을 제공한 첫 번째 회차의 조작으로부터 얻은 선호하는 가변 중쇄 도메인(H1.9, H1.22, H1.24, H2.3, H2.9, H2.12, H2.90, H2.91, 및 H2.118)과 선호하는 가변 경쇄 도메인(L1.187 및 L1.189)을 조합하여 16개 변이체의 새로운 라이브러리를 생성하였다. CLDN6 및 CLDN9에 대한 이러한 변이체의 결합을 상기 기재된 바와 같이 조사하였으며, 데이터는 도 32에 제시되어 있다. 도 33의 데이터는, 시험 물품 각각에 대한 EC50 및 AUC뿐 아니라, 선택성의 지표로서의 CLDN9/CLDN6 EC50비 및 CLDN6/CLDN9 AUC 비를 도시한 것이다. 16개 조합 변이체는 각각 모 인간화 클론과 비교하여 증강된 선택성을 나타냈다(예를 들어, H1L1을 갖고 CLDN9/CLDN6 EC50 비가 23.03인 XENP34218과 비교한, H1.22_L1.87을 갖고 CLDN9/CLDN6 EC50 비가 44.94인 XENP36956). 주목할 만한 것은, 선호하는 가변 중쇄 도메인과 선호하는 가변

경쇄 도메인의 조합이 항상 모 변이체와 비교하여 선택성을 증강시키지 못했다는 점이다(예를 들어, H1_L1.187을 갖고 CLDN9/CLDN6 EC50 비가 52.64인 XENP36972와 비교한, H1.22_L1.187을 갖고 CLDN9/CLDN6 EC50 비가 44.94인 XENP36956). 최종적으로, 16개 조합 변이체 중 10개는 CLDN9/CLDN6 EC50 비에 기반하여 비교 기준인 XENP26863보다 우수한 선택성을 나타냈으며; 16개 조합 변이체 중 16개는 CLDN6/CLDN9 AUC 비에 기반하여 우월성을 나타냈다. 가변 중쇄 도메인 돌연변이를 조합한 변이체를 또한 조사하였지만, 이러한 변이체는 가변 중쇄 도메인당 하나의 돌이변이만 갖는 클론보다 더 나은 결과를 생성하지 못했다는 점에 유의해야 한다. 상기 비가 증강된 선택성에 대한 유일한 결정인자가 되어서는 안된다는 점에 유의해야 한다. 예를 들어, H1.9_L1.187을 갖고 CLDN9/CLDN6 EC50이 44.94인 XENP36956은 대조군인 XENP26863보다 약간 덜 선택적인 것으로 나타났지만, XENP36956은 CLDN6 결합에 대한 합리적인 EC50을 유지하면서 XENP26863과 비교하여 CLDN9 결합에 대해 훨씬 더 높은 EC50을 나타냈다(2146 ng/ml와 비교한 29584 ng/ml).

[0384] 6. 이중특이적 항체와 관련하여 조작된 CLDN6 결합 도메인의 조사

[0385] 최종적으로, 이중특이적 형식이 선택성에 영향을 미치는지 여부를 조사하기 위해, 바람직한 조합 변이체 중 몇몇을 2 + 1 Fab2-scFv-Fc CD3 bsAb에 혼입하였다. 놀랍게도, 도 34a에 도시된 바와 같이, C6-30_H1.24_L1.187을 갖는 XENP37231, C6-30_H1.9_L1.187을 갖는 XENP37227 및 C6-30_H2.91_L1.187을 갖는 XENP37233을 포함하는 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 이중특이적 항체 중 다수는, 동일한 변이형 CLDN6 결합 도메인을 갖는 상응하는 2가 mAb와 비교하여 증강된 CLDN6 결합을 나타냈지만; C6-30_H1.22_L1.89 변이체는 실제로 단일특이적 2가 형식과 비교하여 이중특이적 형식에서 감소된 결합을 나타냈으며, 몇몇의 다른 변이체는 이중특이적 형식과 단일특이적 2가 형식에서 유사한 결합을 나타냈다. 또한, 놀랍게도, 도 34b에 도시된 바와 같이, C6-30_H1.9_L1.187 변이체를 갖는 XENP37227 및 C6-30_H1.24_L1.187 변이체를 갖는 XENP37231을 포함하는 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 이중특이적 항체 중 몇몇은, 동일한 변이형 CLDN6 결합 도메인을 갖는 상응하는 2가 mAb와 비교하여 감소된 CLDN9 결합을 나타냈다.

[0386] 7. 추가적인 표적외 결합 조사

[0387] 클라우딘 패밀리 내 다른 단백질과의 교차 반응성을 확인하기 위해, CLDN5, CLDN8 및 CLDN17에 대한 C6-24_H1L1, C6-30_H1L1 및 C6-30_H2L1의 결합을 일반적으로 상기 기재된 바와 같이 조사하였다. 도 35에 도시된 데이터는, 어떠한 클론도 조사된 추가의 클라우딘에 대해 교차 반응성을 나타내지 않았음을 보여준다. 또한, C6-30 변이체를 XENP37217(비교 기준인 CLDN6 결합 도메인을 사용한 CLDN6 x CD3 이중특이적 항체, 이의 서열은 도 60에 도시되어 있음)과 함께 CLDN3, CLDN4, CLDN8 및 CLDN17에 대한 결합에 대해 스크리닝하였다. 293 세포를 CLDN3, CLDN4, CLDN8 또는 CLDN17로 일시적으로 트랜스펙션시켰다. 세포를 플레이팅하고, 각각의 시험 물품을 각각의 세포주에 100 μg/ml 용량으로 첨가하였다. 4℃에서 1시간 인큐베이션 후, 세포를 세척하고, 2차 AF647 항체를 첨가하였다. 세포를 4℃에서 추가 1시간 동안 인큐베이션한 후, 추가로 세척하고, 유세포분석을 수행하였다. 이러한 상이한 클라우딘 패밀리 구성원 각각에 대해, 비교 분자인 XENP37217은, C6-30 결합 도메인을 이용한 시험 물품보다 더 높은 결합을 나타냈다. XENP37217은 특히 CLDN8 및 CLDN17에 대해 강력한 결합을 나타냈으며, 도 61에 도시된 바와 같이 C6-30 변이체보다 10배 초과로 더 큰 MFI를 생성하였다. 이는, CLDN6뿐 아니라 다른 클라우딘 패밀리 구성원에 대해 결합 특이성을 갖는 CLDN6 결합 도메인의 잠재력을 강조한다.

[0388] C. 실시예 3: CLDN6 발현 세포에서 재지시된 T세포 세포독성을 최적화하기 위한 αCLDN6 x αCD3 bsAb의 조작

[0389] 다양한 조정된 CLDN6 및 CD3 결합 도메인을 이용하여 다양한 이중특이적 형식으로 αCLDN6 x αCD3 bsAb를 조작하고, 재지시된 T세포 세포독성(RTCC), CLDN6 선택성 및 잠재적 치료 지수를 최적화하기 위해 일반적으로 실시예 1에 기재된 바와 같이 생성하였다.

[0390] 1. CLDN6+ 세포에서 재지시된 T세포 세포독성(RTCC)이 증강된 2가 CLDN6 결합을 갖는 αCLDN6 x αCD3 bsAb

[0391] 결합력의 영향을 조사하기 위해, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 및 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식의 C6-24_H1L1, C6-30_H1L1 및 C6-30_H2L1을 사용하여 αCLDN6 x αCD3 bsAb를 조작하였다(즉, CLDN6 항원의 1가 결합 대 2가 결합). PA-1 세포(CLDN6hi; 1.1 X 10^6 CLDN6 밀도)를 인간 PBMC에서 단리된 T세포와 함께 10:1 이펙터:표적 비로 48시간 동안 인큐베이션하였다. RTCC 활성을 나타내는 데이터(세포사멸률과 T세포 활성화로 표시됨)는 도 37 및 도 38에 도시되어 있다. 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 작제물은 1 + 1 작제물에 비해 20배 내지 100배 더 낮은 EC50을 나타냈다. 또한, 2 + 1 작제물과 1 + 1 작제물 사이의 역가 변화는 C6-30_H1L1과 비교하여 C6-30_H2L1의 경우에 약 0.5로그 이상이었다. 종합적으로, 데이터는, 2가 CLDN6 결합을 갖는 bsAb가 CLDN6+ 표적 세포에서 RTCC

가 증강됨을 나타낸다.

[0392] 2. CLDN9보다 CLDN6에 대한 선택성이 증강된, 2가 CLDN6 결합 및 저친화성 CD3 결합을 갖는 αCLDN6 x αCD3 bsAb

[0393] 다음으로, C6-30_H2L1을 갖고, 고친화성 CD3_High 또는 저친화성 CD3_High-Int#1과, 1 + 1 Fab-scFv-Fc 또는 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식을 갖는 αCLDN6 x αCD3 bsAb를 CLDN6+ 표적 세포에 대한 선택성에 대해 조사하였다. HUTU-80 세포(CLDN6+) 또는 CLDN9을 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 HEK293-TREX 세포를 인간 PBMC에서 정제된 T세포와 함께 10:1 이펙터:표적 비로 48시간 동안 인큐베이션하였다. 또한, 비교 기준인 bsAb XENP26849를 사용하였다. RTCC 활성을 나타내는 데이터(세포사멸률과 T세포 활성화로 표시됨)는 도 39 및 도 40에 도시되어 있다. 놀랍게도, 고친화성 CD3_High를 갖는 bsAb에 의한 HUTU-80 세포에서의 RTCC 활성의 유도는 저친화성 CD3_High-Int#1을 갖는 bsAb와 약간만 상이하였다. 하지만, 실시예 3A와 일치하게, 2 + 1 형식은 1 + 1 형식과 비교하여 훨씬 더 강력한 RTCC 활성을 가능하게 하였다. 특히, 저친화성 CD3_High-Int#1을 갖는 2 + 1 Fab2-scFv-Fc bsAb는 고친화성 CD3_High를 갖는 2 + 1 bsAb보다 표적외 CLDN9+ 세포에서 덜 강력하게 RTCC를 유도하였으며, 이는, 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식과 관련하여 저친화성 CD3 결합 도메인을 사용하면 CLDN9 발현 세포보다 CLDN6에 대한 선택성이 유리하게 개선됨을 나타낸다. 나아가, C6-30을 기반으로 하는 각각의 bsAb는 비교 기준 bsAb인 XENP26849와 비교하여 CLDN9+ 발현 세포에서 훨씬 더 약한 RTCC의 유도를 나타냈다.

[0394] 3. CLDN6 항원 밀도 및 CD3 결합 친화성과 상관관계가 있는 αCLDN6 x αCD3 bsAb 활성

[0395] 다음으로, 상이한 CLDN6 밀도를 갖는 세포주에서 RTCC 활성을 조사하였다. 30K PA-1($1.1x10^6$ CLDN6 밀도), OV-90(195K CLDN6 밀도), NEC-8(175K CLDN6 밀도) 및 COV-318(11K CLDN6 밀도) 세포를 인간 PBMC에서 정제된 T세포와 함께 10:1 E:T 비로 48시간 동안 인큐베이션하였다. RTCC 활성(세포사멸률과 T세포 활성화로 표시됨)은 도 41 내지 도 44에 도시되어 있다. 데이터는, 세포 사멸 활성과 T세포 활성화가 CLDN6 항원 밀도 및 CD3 결합 도메인의 친화성과 상관관계가 있음을 보여준다. 더 낮은 CLDN6 항원 밀도보다 더 높은 CLDN6 항원 밀도에 대한 선택성은, 임상 설정에서 CLDN6을 낮은 수준으로 발현하는 건강한 조직의 잠재적인 표적외 사멸 감소와 개선된 치료 지수를 시사한다.

[0396] 4. αCLDN6 x αCD3 bsAb 활성 및 선택성의 조정

[0397] 리드 선택성 조정된 CLDN6 결합 도메인(실시예 2에 기재된 바와 같음)을 CD3_High-Int#1을 갖는 2 + 1 Fab2-scFv-Fc 형식에 혼입하는 방식으로 αCLDN6 x αCD3 bsAb를 추가로 조정하였다.

[0398] 30K HUTU-80(CLDN6+) 또는 CLDN9을 발현하도록 안정적으로 트랜스펙션된 HEK293TREX 세포를 인간 PBMC에서 정제된 T세포 및 시험 물품과 함께 48시간 동안 인큐베이션하였다. 첫 번째 실험에서, 10:1 이펙터:표적 비를 사용하였으며, 데이터는 도 45에 도시되어 있다. 두 번째 실험에서, 1:1 이펙터:표적 비를 사용하였으며, 데이터는 도 46에 도시되어 있다. 실시예 2.6의 데이터와 일치하게, 선택성 조작된 CLDN6 결합 도메인을 갖는 bsAb는, 모 C6-30_H1L1 및 C6-30_H2L1을 갖는 bsAb와 비교하여, CLDN6+ 세포에서 조절된 활성 및/또는 CLDN9+ 세포에서 조절된 활성을 나타냈다. 하나의 예에서, XENP37233은, 모 클론과 비교하여, CLDN9+ 세포에서는 유사한 활성을 나타냈지만, CLDN6+ 세포에서는 유의하게 증강된 활성을 나타냈다. 또 다른 예에서, XENP37227은, 모 클론과 비교하여, CLDN9+ 세포에서는 감소된 활성을 나타냈지만, CLDN6+ 세포에서는 증강된 활성을 나타냈다. 또 다른 예에서, XENP37231은, 모 클론과 비교하여, CLDN9+ 세포에서는 활성을 나타내지 않거나 거의 나타내지 않았지만, CLDN6+ 세포에서는 약간 감소된 활성을 나타냈다. 이러한 bsAb는 각각, 임상 개발이 CLDN6+ 세포에서의 증강된 활성, CLDN9+ 세포에서의 감소된 활성, 또는 바람직하게는 두 가지의 균형을 선호하는지에 따라 적합할 수 있다. 추가로, 두 번째 실험에서, CD69 발현, CD107a 발현 및 사이토카인(IFNɣ, IL-2 및 TNFα) 분비로 표시된 바와 같은 T세포의 활성화를 도 47 내지 도 51에 도시된 바와 같이 결정하였으며, 관찰 결과는 세포 사멸 데이터와 일치하였다.

[0399] 도 52는, HUTU-80 세포 대 CLDN9를 발현하는 HEK293TREX 세포에서의 RTCC 활성의 오버레이를 추가로 도시한 것이다. 데이터는, 각각의 bsAb가 CLDN9+ 세포의 사멸을 회피하면서 CLDN6+ 세포의 효과적인 사멸을 달성하기 위해 고농도로 투여될 수 있음을 보여준다.

[0400] 또 다른 실험에서, PA-1 세포에서의 상기 기재된 bsAb의 RTCC 활성을, XENP37227과 동일한 CLDN6 결합 도메인(즉, C6-30_H1.9_L1.187) 및 저친화성 CD3 scFv(즉, CD3_High-Int#2)를 갖는 XENP37630(이의 서열은 도 59에 도시되어 있음)과 비교하였다. 세포 사멸과 T세포 활성화(CD25 발현과 CD107a 발현으로 표시됨)는 도 53에 도시되어 있으며, 이는, 4개의 bsAb가 각각 높은 농도에서 효과적인 표적 세포 사멸을 달성했음을 보여주고, 여기

서 효능은 다음과 같이 순위가 매겨졌다: XENP37223(최고 효능) > XENP37227 > XENP37630 > XENP37231(최저 효능).

[0401] D. 실시예 4: 본 발명의 αCLDN6 x αCD3 bsAb의 추가 특징분석

[0402] 상기 시험관내 실험에 기반하여, 몇몇 bsAb를 추가 생체내 분석을 위해 선택하였다. 이러한 항체를 혈청 반감기를 증강시키기 위해 Xtend Fc(M428L/N434S)를 이용하여 추가로 조작하였으며, 이에 대한 예시적인 서열은 도 22 및 도 59에 도시되어 있다: XENP37547(XENP37233에 대한 Xtend 유사체), XENP37545(XENP37231에 대한 Xtend 유사체), XENP37634(XENP37630에 대한 Xtend 유사체) 및 XENP37541(XENP37227에 대한 Xtend 유사체).

[0403] 1. 종양에서 CLDN6을 대표하는 세포를 사멸하는 αCLDN6 x αCD3 bsAb

[0404] 종양 세포와 생물학적으로 관련이 있는 수준으로 CLDN6 항원을 발현하는 세포주를 효과적으로 표적으로 하는 αCLDN6 x αCD3 bsAb의 능력을 확인하기 위해, 난소암의 생검 코어에서 IHC를 수행하고, 0점 내지 3점의 척도로 정성적으로 점수(본원에서 IHC 점수로 지칭됨)를 매겼다(여기서, 0점은 표적 항원 발현이 없거나 거의 없음을 나타내고, 3점은 높은 표적 항원 발현을 나타냄). 상이한 유형의 난소암 사이에서 상당한 차이가 있었지만, 다수가 1점 내지 2점 범위의 IHC 점수를 나타냈으며, 이는 세포당 대략 200k 이하의 CLDN6 항원을 나타낸다. 이러한 이유로, PA-1 세포를 낮은 범위의 밀도에서 CLDN6을 발현하도록 유전자 조작하였다. 세포당 대략 47k, 55k, 77k, 105k, 212k 또는 228k CLDN6 항원을 발현하도록 조작된 PA-1 세포주를 확립하였다. XENP37541을 저밀도 PA-1 세포주와 각각 인큐베이션한 세포 결합 실험을 수행하였다. 이어서, 세포주를 세척하고, 2차 항체로 염색하고, 다시 세척한 후, 유세포분석으로 결합을 측정하였다. 도 54에서 볼 수 있는 바와 같이, 결합 수준은 CLDN6 발현 밀도에 따라 다르지만, XENP37541은 CLDN6을 낮은 수준으로 발현하는 세포, 심지어 세포당 47k CLDN6 항원을 발현하는 세포에 여전히 결합 가능하였다.

[0405] 다음으로, αCLDN6 x αCD3 bsAb인 XENP37541, XENP37634 및 XENP37545를 XENP32140(음성 대조군 RSV x CD3 bsAb)과 함께, 이러한 저 CLDN6 밀도 PA-1 세포주에서 RTCC를 유도하는 능력에 대해 시험하였다. 1:1 이펙터:표적 세포 비를 사용하였으며, 시험 물품은 도 55에 제시된 농도 범위로 사용하였다. 72시간 인큐베이션 후, 결과를 측정하였으며, 도 55에 도시된 바와 같이, XENP37541, XENP37634 및 XENP37545는 모두 더 낮은 CLDN6 발현 수준에서도 CLDN6 밀도 의존적 방식으로 RTCC를 효과적으로 유도할 수 있었다. 결과는, XENP37541이 모든 CLDN6 밀도에 걸쳐 가장 강력한 효능과 가장 낮은 EC50 값을 나타냈음을 보여준다.

[0406] 2. 생체내에서 T세포의 동종이계 항종양 효과를 증강시키는 αCLDN6 x αCD3 bsAb

[0407] -7일차에, NOD SCID 감마(NSG) 마우스(n = 10)에 10 x 10^6개의 PA-1 세포(마트리겔 중)를 피내로 이식하였다. 0일차에, 마우스에게 5 x 10^6개의 인간 PBMC를 복강내로 이식하였다. 이어서, 0일차, 7일차, 14일차 및 21일차에, 마우스를 0.3 mg/kg, 1.0 mg/kg 또는 3.0 mg/kg의 XENP37233, XENP37227, XENP37630 또는 XENP37231, 또는 PBS 대조군으로 처리하였다. 종양 부피를 캘리퍼로 주 3회 측정하고(이의 데이터는 도 56에 제시되어 있음), 혈액을 채취하여 림프구 확장을 조사하였다(데이터는 제시되지 않음). 데이터는, 4개의 bsAb가 각각 모든 농도에서 항종양 효과를 유도할 수 있었음을 보여준다. 14일차까지, 각각의 이중특이적 항체는 PBS 대조군에 비해 항종양 활성을 증강시켰다. 특히, 효능이 낮은 분자인 XENP37630과 XENP37231은, 항종양 활성에 있어서 일부 용량 의존성을 나타냈다.

[0408] 3. 시노몰구스 원숭이에서 내약성이 우수하고, 양호한 약동학 프로파일을 나타낸 αCLDN6 x αCD3 bsAb

[0409] 0일차에, 동물(n = 1)에, XENP37547, XENP37545, XENP37634 및 XENP37541을 1X, 10X, 30X 및 60X 용량으로 투여하였다. 시간 경과에 따라 혈청 중 약물 농도를 결정하기 위해 채혈하였으며, 데이터는 도 57 및 도 58에 도시되어 있다. 데이터는, bsAb가 생체내에서 약 2주의 반감기를 나타내며, 용량 의존적이었음을 보여준다. 또한, bsAb는 임상 관찰(예를 들어, 체중; 데이터는 제시되지 않음)에서 나타난 바와 같이 일반적으로 내약성이 우수하였다.

도면

도면1a

단량체 1	단량체 2
F405A	T394F
S364D	Y349K
S364E	L368K
S364E	Y349K
S364F	K370G
S364H	Y349K
S364H	Y349T
S364Y	K370G
T411K	K370E
V397S/F405A	T394F
K370R/T411K	K370E/T411E
L351E/S364D	Y349K/L351K
L351E/S364E	Y349K/L351K
L351E/T366D	L351K/T366K
P395T/V397S/F405A	T394F
S364D/K370G	S364Y/K370R
S364D/T394F	Y349K/F405A
S364E/F405A	Y349K/T394F
S364E/F405S	Y349K/T394Y
S364E/T411E	Y349K/D401K
S364H/D401K	Y349T/T411E
S364H/F405A	Y349T/T394F
S364H/T394F	Y349T/F405A
Y349C/S364E	Y349K/S354C
L351E/S364D/F405A	Y349K/L351K/T394F
L351K/S364H/D401K	Y349T/L351E/T411E
S364E/T411E/F405A	Y349K/T394F/D401K
S364H/D401K/F405A	Y349T/T394F/T411E
S364H/F405A/T411E	Y349T/T394F/D401K

도면1b

단량체 1	단량체 2
K370E/T411D	T411K
L368E/K409E	L368K
Y349T/T394F/S354C	S364H/F405A/Y349C
T411E	D401K
T411E	D401R/T411R
Q347E/K360E	Q347R
L368E	S364K
L368E/K370S	S364K
L368E/K370T	S364K
L368E/D401R	S364K
L368E/D401N	S364K
L368E	E357S/S364K
L368E	S364K/K409E
L368E	S364K/K409V
L368D	S364K
L368D/K370S	S364K
L368D/K370S	S364K/E357L
L368D/K370S	S364K/E357Q
T411E/K360E/Q362E	D401K
K370S	S364K
L368E/K370S	S364K/E357Q
K370S	S364K/E357Q
T411E/K360D	D401K
T411E/K360E	D401K
T411E/Q362E	D401K
T411E/N390D	D401K
T411E	D401K/Q347K
T411E	D401K/Q347R
T411E/K360D/Q362E	D401K

도면1c

단량체 1	단량체 2
T411E/K360E/N390D	D401K
T411E/Q362E/N390D	D401K
T411E/Q347R	D401K/K360D
T411E/Q347R	D401K/K360E
T411E/K360	D401K/Q347K
T411E/K360D	D401K/Q347R
T411E/K360E	D401K/Q347K
T411E/K360E	D401K/Q347R
T411E/S364K	D401K/K370S
T411E/K370S	D401K/S364K
Q347E	E357Q
Q347E	E357Q/Q362K
K360D/Q362E	Q347R
K360D/Q362E	D401K
K360D/Q362E	Q347R/D401K
K360E/Q362E	Q347R
K360E/Q362E	D401K
K360E/Q362E	Q347R/D401K
Q362E/N390D	D401K
Q347E/K360D	D401N
K360D	Q347R/N390K
K360D	N390K/D401N
K360E	Y349H
K370S/Q347E	S364K
K370S/E357L	S364K
K370S/E357Q	S364K
K370S/Q347E/E357L	S364K
K370S/Q347E/E357Q	S364K

도면1d

단량체 1	단량체 2
L368D/K370S/Q347E	S364K
L368D/K370S/E357L	S364K
L368D/K370S/E357Q	S364K
L368D/K370S/Q347E/E357L	S364K
L368D/K370S/Q347E/E357Q	S364K
L368E/K370S/Q347E	S364K
L368E/K370S/E357L	S364K
L368E/K370S/E357Q	S364K
L368E/K370S/Q347E/E357L	S364K
L368E/K370S/Q347E/E357Q	S364K
L368D/K370T/Q347E	S364K
L368D/K370T/E357L	S364K
L368D/K370T/E357Q	S364K
L368D/K370T/Q347E/E357L	S364K
L368D/K370T/Q347E/E357Q	S364K
L368E/K370T/Q347E	S364K
L368E/K370T/E357L	S364K
L368E/K370T/E357Q	S364K
L368E/K370T/Q347E/E357L	S364K
L368E/K370T/Q347E/E357Q	S364K
T411E/Q362E	D401K/T411K
T411E/N390D	D401K/T411K
T411E/Q362E	D401R/T411R
T411E/N390D	D401R/T411R
Y407T	T366Y
F405A	T394W
T366Y/F405A	T394W/Y407T
Y407A	T366W
T366S/L368A/Y407V	T366W
T366S/L368A/Y407V/Y349C	T366W/S354C
T366S/L368A/Y407V/S354C	T366W/Y349C

도면1e

단량체 1	단량체 2
K392D/K409D	E356K/D399K
K370D/K392D/K409D	E356K/E357K/D399K
I199T/N203D/K247Q/R355Q/N384S/K392N/V397M/Q419E/K447_	Q196K/I199T/P217R/P228R/N276K
I199T/N203D/K247Q/R355Q/N384S/K392N/V397M/Q419E/K447_	Q196K/I199T/N276K
N384S/K392N/V397M/Q419E	N276K
D221E/P228E/L368E	D221R/P228R/K409R
C220E/P228E/L368E	C220R/E224R/P228R/K409R
F405L	K409R
T366I/K392M/T394W	F405A/Y407V
T366V/K409F	L351Y/Y407A
T366A/K392E/K409F/T411E	D399R/S400R/Y407A
L351K	L351E
I199T/N203D/K247Q/R355Q/Q419E/K447_	Q196K/I199T/P217R/P228R/N276K
I199T/N203D/K247Q/R355Q/Q419E/K447_	Q196K/I199T/N276K
I199T/N203D/K274Q/R355Q/N384S/K392N/V397M/Q419E/K447_	
N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D	
N208D/Q295E/Q418E/N421D	
Q196K/I199T/P217R/P228R/N276K	
Q196K/I199T/N276K	
E269Q/E272Q/E283Q/E357Q	
E269Q/E272Q/E283Q	
E269Q/E272Q	
E269Q/E283Q	
E272Q/E283Q	
E269Q	

도면2

변이체 불변 영역	치환
pI-ISO(-)	I199T/N203D/K274Q/R355Q/N384S/K392N/N397M/Q419E/K447_
pI_ISO(-)-Fc 단독	K274Q/R355Q/N384S/K392N/V397M/Q419E/K447_
pI_(-)_등입체성_A	N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D
pI_(-)_등입체성 A-Fc 단독	Q295E/N384D/Q418E/N421D
pI_(-)_등입체성_B	N208D/Q295E/Q418E/N421D
pI_(-)_등입체성_B-Fc 단독	Q295E/Q418E/N421D
pI_ISO(+RR)	Q196K/I199T/P217R/P228R/N276K
pI_ISO(+RR)-Fc 단독	P217R/P228R/N276K
pI_ISO(+)	Q196K/I199T/N276K
pI_ISO(+)-Fc 단독	N276K
pI_(+)_등입체성_A	E269Q/E272Q/E283Q/E357Q
pI_(+)_등입체성_B	E269Q/E272Q/E283Q
pI_(+)_등입체성_E269Q/E272Q	E269Q/E272Q
pI_(+)_등입체성_E269Q/E283Q	E269Q/E283Q
pI_(+)_등입체성_E272Q/E283Q	E272Q/E283Q
pI_(+)_등입체성_E269Q	E269Q

도면3

절제 변이체

G236R
S239G
S239K
S239Q
S239R
V266D
S267K
S267R
H268K
E269R
299R
299K
K322A
A327G
A327L
A327N
A327Q
L328E
L328R
P329A
P329H
P329K
A330L
A330S/P331S
I332K
I332R
V266D/A327Q
V266D/P329K
S267R/A327Q
S267R/P329K
G236R/L328R
E233P/L234V/L235A/G236_/S239K
E233P/L234V/L235A/G236_/S267K
E233P/L234V/L235A/G236_/S239K/A327G
E233P/L234V/L235A/G236_/S267K/A327G
E233P/L234V/L235A/G236_
S239K/S267K
267K/P329K

도면4

중쇄 1 (-) 예를 들어, Fab-Fc	중쇄 2 (+) 예를 들어, scFv-Fc 또는 Fab-scFv-Fc
	C220S
이종이량체 변이체 L368D/K370S	이종이량체 변이체 S364K/E357Q
등입체성 pI 치환 N208D/Q295E/N384D/Q418E/N421D	
FcKO E233P/L234V/L235A/G236_/S267K	FcKO E233P/L234V/L235A/G236_/S267K
±M428L/N434S	±M428L/N434S

도면5

양으로 하전된 scFv 링커

명칭	서열	길이	전하	서열번호
Gly-Ser 15	GGGGSGGGGSGGGGS	15	0	6
휘트로우 링커	GSTSGSGKPGSGEGSTKG	18	+1	7
6paxA_1 (+A)	IRPRAIGGSKPRVA	14	+4	8
+B	GKGGSGKGGSGKGGS	15	+3	9
+C	GGKGSGGKGSGGKGS	15	+3	10
+D	GGGKSGGGKSGGGKS	15	+3	11
+E	GKGKSGKGKSGKGKS	15	+6	12
+F	GGGKSGGKGSGKGGS	15	+3	13
+G	GKPGSGKPGSGKPGS	15	+3	14
+H	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	20	+4	1
+I	GKGKSGKGKSGKGKSGKGKS	20	+8	16

음으로 하전된 scFv 링커

명칭	서열	길이	전하	서열번호
Gly-Ser 20	GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS	20	0	17
3hsc_2 (-A)	STAGDTHLGGEDFD	14	-4	18
-B	GEGGSGEGGSGEGGS	15	-3	19
-C	GGEGSGGEGSGGEGS	15	-3	20
-D	GGGESGGGESGGGES	15	-3	21
-E	GEGESGEGESGEGES	15	-6	22
-F	GGGESGGEGSGEGGS	15	-3	23
-G	GEGESGEGESGEGESGEGES	20	-8	24

추가의 scFv 링커

GGGGSGGGGSGGGGS	서열번호 25
GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS	서열번호 26
GSTSGSGKPGSGEGSTKG	서열번호 27
PRGASKSGSASQTGSAPGS	서열번호 28
GTAAAGAGAAGGAAAGAAG	서열번호 29
GTSGSSGSGSGGSGSGGGG	서열번호 30
GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	서열번호 15

도면6

유용한 도메인 링커

명칭	서열	서열번호
$(GGGGS)_1$ 또는 GGGGS	GGGGS	5
$(GGGGS)_2$	GGGGSGGGGS	31
$(GGGGS)_3$	GGGGSGGGGSGGGGS	32
$(GGGGS)_4$	GGGGSGGGGSGGGGSGGGGS	33
$(GGGGS)_5$	GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS	34
$(GGGGS)_6$	GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS	35
$(GGGGS)_7$	GGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGSGGGGS	36
$(GGGGA)_1$ 또는 GGGGA	GGGGA	37
$(GGGGA)_2$	GGGGAGGGGA	38
$(GGGGA)_3$	GGGGAGGGGAGGGGA	39
$(GGGGA)_4$	GGGGAGGGGAGGGGAGGGGA	40
$(GGGGA)_5$	GGGGAGGGGAGGGGAGGGGAGGGGA	41
$(GGGGA)_6$	GGGGAGGGGAGGGGAGGGGAGGGGAGGGGA	42
$(GGGGA)_7$	GGGGAGGGGAGGGGAGGGGAGGGGAGGGGAGGGGA	43
30AA-링커	DPALVHQRPAPPGGGGSGGGGSGGGGSGGG	44
$(GKPGS)_1$ 또는 GKPGS	GKPGS	45
$(GKPGS)_5$	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	46
$(GKPGS)_6$	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	47
$(GGGES)_1$ 또는 GGGES	GGGES	48
"하프 힌지"	KTHTCPPCP	49
"전장 힌지 C220S 변이체"	EPKSSDKTHTCPPCP	50
"플렉스 하프 힌지"	GGGGSGGGGSKTHTCPPCP	51
"하전된 하프 힌지 1"	GKPGSGKPGSKTHTCPPCP	52
"하전된 하프 힌지 2"	GKPGSKTHTCPPCP	53

도면7a

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 1

>Fab-Fc 측 (서열번호 54)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 55)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQ
MTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSV
MHEALHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 2

>Fab-Fc 측 (서열번호 56)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 57)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEM
TKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
HEALHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 3

>Fab-Fc 측 (서열번호 58)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCEVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 59)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEM
TKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
HEALHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 4

>Fab-Fc 측 (서열번호 60)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHODWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTENEVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLEVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

도면7b

>scFv-Fc 측 (서열번호 61)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEM
TKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSKGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
HEALHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 5

>Fab-Fc 측 (서열번호 62)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 63)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDQL
TKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
HEALHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 6

>Fab-Fc 측 (서열번호 64)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 65)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQ
MTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSV
MHEALHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 7

>Fab-Fc 측 (서열번호 66)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYSSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 67)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYSSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQM
TKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVM
HEALHNHYTQKSLSLSPGK

도면7c

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 8

>Fab-Fc 측 (서열번호 68)
ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTKTYTCNVDHKPSDTKVDKRVESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVV
DVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIE
KTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFF
LYSRLTVDKSRWEEGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSLGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 69)
ESKYGPPCPPCPAPEFLGGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSQEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKT
KPREEQFNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPSSIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSQEQMTK
NQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSRLTVDKSRWQEGNVFSCSVMHE
ALHNHYTQKSLSLSLGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 9

>Fab-Fc 측 (서열번호 70)
ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSNFGTQTYTCNVDHKPSDTKVDKTVERKCCVECPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVD
VSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTFRVVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEK
TISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFL
YSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 71)
ERKCCVECPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTK
PREEQFNSTFRVVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREQMTKN
QVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEA
LHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 10

>Fab-Fc 측 (서열번호 72)
ASTKGPSVFPLAPCSRSTSESTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSNFGTQTYTCNVDHKPSDTKVDKTVERKCCVECPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVD
VKHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEFNSTFRVVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEK
TISKTKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFL
YSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 73)
ERKCCVECPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVQFNWYVDGVEVHNAKT
KPREEQFNSTFRVVSVLTVVHQDWLNGKEYKCKVSNKGLPAPIEKTISKTKGQPREPQVYTLPPSREQMTK
NQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPMLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHE
ALHNHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 11

>Fab-Fc 측 (서열번호 74)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK

도면7d

>scFv-Fc 측 (서열번호 75)
EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQ
MTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSV
LHEALHSHYTQKSLSLSPGK

1 + 1 Fab-scFv-Fc 백본 12

>Fab-Fc 측 (서열번호 76)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVAGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>scFv-Fc 측 (서열번호 77)
ERKSSDKTHTCPPRPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFKWYVDGVEVHNA
KTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQ
MTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSV
MHEALHNHYTQKSLSLSPGK

도면8a

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 1

>Fab-Fc 측 (서열번호 78)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 79)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGK

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 2

>Fab-Fc 측 (서열번호 80)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 81)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGK

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 3

>Fab-Fc 측 (서열번호 82)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCEVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 83)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGK

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 4

>Fab-Fc 측 (서열번호 84)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTENEVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLEVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

도면8b

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 85)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGF
YPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSKGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLS
LSPGK

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 5

>Fab-Fc 측 (서열번호 86)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDELTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 87)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSRDQLTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGK

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 6

>Fab-Fc 측 (서열번호 88)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYASTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 89)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYASTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGK

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 7

>Fab-Fc 측 (서열번호 90)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYSSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 91)

APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYSSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGK

도면8c

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 8

>Fab-Fc 측 (서열번호 92)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 93)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVLHEALHSHYTQKSLS
LSPGK

2 + 1 Fab2-scFv-Fc 백본 9

>Fab-Fc 측 (서열번호 94)
ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVP
SSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCV
VVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPA
PIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVAGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDG
SFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK

>Fab-scFv-Fc 측 (서열번호 95)
APPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFKWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYR
VVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKG
FYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSL
SLSPGK

도면9

불변 경쇄 도메인 – 카파 (서열번호 96)
RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSST
LTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC

불변 경쇄 도메인 – 람다 (서열번호 97)
GQPKAAPSVTLFPPSSEELQANKATLVCLISDFYPGAVTVAWKADSSPVKAGVETTTPSKQSNNKYAASSY
LSLTPEQWKSHRSYSCQVTHEGSTVEKTVAPTECS

도면10a

CD3 High – [항-CD3] H1.30_L1.47_scFv

	서열	서열번호
scFv (VHVL)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS /QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRG LIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNH WVFGGGTKLTVL	98
scFv (VLVH)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGS LRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADS VKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDSYVSWFA YWGQGTLVTVSS	99
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS	100
vhCDR1	TYAMN	101
vhCDR2	RIRSKYNNYATYYADSVKG	102
vhCDR3	HGNFGDSYVSWFAY	103
가변 경쇄(vl) 도메인	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL	104
vlCDR1	GSSTGAVTTSNYAN	105
vlCDR2	GTNKRAP	106
vlCDR3	ALWYSNHWV	107
링커	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	108

도면10b

CD3 High-Int #1 – [항-CD3] H1.32_L1.47_scFv

	서열	서열번호
scFv (VHVL)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS /QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRG LIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNH WVFGGGTKLTVL	109
scFv (VLVH)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGS LRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADS VKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDSYVSWFA YWGQGTLVTVSS	110
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS	111
vhCDR1	TYAMN	112
vhCDR2	RIRSKANNYATYYADSVKG	113
vhCDR3	HGNFGDSYVSWFAY	114
가변 경쇄(vl) 도메인	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL	115
vlCDR1	GSSTGAVTTSNYAN	116
vlCDR2	GTNKRAP	117
vlCDR3	ALWYSNHWV	118
링커	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	119

도면10c

CD3 High-Int #2 – [항-CD3] H1.89_L1.47_scFv

	서열	서열번호
scFv (VHVL)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDEYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKPGSGKPG S/QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPR GLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSN HWVFGGGTKLTVL	120
scFv (VLVH)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGS LRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADS VKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDEYVSWFA YWGQGTLVTVSS	121
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDEYVSWFAYWGQGTLVTVSS	122
vhCDR1	TYAMN	123
vhCDR2	RIRSKYNNYATYYADSVKG	124
vhCDR3	HGNFGDEYVSWFAY	125
가변 경쇄(vl) 도메인	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL	126
vlCDR1	GSSTGAVTTSNYAN	127
vlCDR2	GTNKRAP	128
vlCDR3	ALWYSNHWV	129
링커	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	130

도면10d

CD3 High-Int #3 – [항-CD3] H1.90_L1.47_scFv

	서열	서열번호
scFv (VHVL)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDPYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS /QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRG LIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNH WVFGGGTKLTVL	131
scFv (VLVH)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGS LRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADS VKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDPYVSWFA YWGQGTLVTVSS	132
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDPYVSWFAYWGQGTLVTVSS	133
vhCDR1	TYAMN	134
vhCDR2	RIRSKYNNYATYYADSVKG	135
vhCDR3	HGNFGDPYVSWFAY	136
가변 경쇄(vl) 도메인	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL	137
vlCDR1	GSSTGAVTTSNYAN	138
vlCDR2	GTNKRAP	139
vlCDR3	ALWYSNHWV	140
링커	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	141

도면10e

CD3-Intermediate – [항-CD3] H1.33 L1.47 scFv

	서열	서열번호
scFv (VHVL)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFDYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS /QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRG LIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNH WVFGGGTKLTVL	142
scFv (VLVH)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGS LRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADS VKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDSYVSWFD YWGQGTLVTVSS	143
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFDYWGQGTLVTVSS	144
vhCDR1	TYAMN	145
vhCDR2	RIRSKYNNYATYYADSVKG	146
vhCDR3	HGNFGDSYVSWFDY	147
가변 경쇄(vl) 도메인	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL	148
vlCDR1	GSSTGAVTTSNYAN	149
vlCDR2	GTNKRAP	150
vlCDR3	ALWYSNHWV	151
링커	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	152

도면10f

CD3 Low – [항-CD3] H1.31 L1.47 scFv

	서열	서열번호
scFv (VHVL)	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMSWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS /QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRG LIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNH WVFGGGTKLTVL	153
scFv (VLVH)	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGS LRLSCAASGFTFSTYAMSWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADS VKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDSYVSWFA YWGQGTLVTVSS	154
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMSWVRQAPGKGLEWV GRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYY CVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS	155
vhCDR1	TYAMS	156
vhCDR2	RIRSKYNNYATYYADSVKG	157
vhCDR3	HGNFGDSYVSWFAY	158
가변 경쇄(vl) 도메인	QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGL IGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHW VFGGGTKLTVL	159
vlCDR1	GSSTGAVTTSNYAN	160
vlCDR2	GTNKRAP	161
vlCDR3	ALWYSNHWV	162
링커	GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS	163

도면11

인간 CLDN6 서열
>sp|P56747
MASAGMQILGVVLTLLGWVNGLVSCALPMWKVTAFIGNSIVVAQVVWEGLWMSCVVQSTGQMQCKVY
DSLLALPQDLQAARALCVIALLVALFGLLVYLAGAKCTTCVEEKDSKARLVLTSGIVFVISGVLTLIPVCWT
AHAIIRDFYNPLVAEAQKRELGASLYLGWAASGLLLLGGGLLCCTCPSGGSQGPSHYMARYSTSAPAISRG
PSEYPTKNYV (서열번호 164)

인간 CLDN6 서열, N-말단 세포외 도메인
>sp|P56747|29-81
MWKVTAFIGNSIVVAQVVWEGLWMSCVVQSTGQMQCKVYDSLLALPQDLQAAR (서열번호 165)

인간 CLDN6 서열, C-말단 세포외 도메인
>sp|P56747|138-160
WTAHAIIRDFYNPLVAEAQKREL (서열번호 166)

마우스 CLDN6 서열
>sp|Q9Z262
MASTGLQILGIVLTLLGWVNALVSCALPMWKVTAFIGNSIVVAQMVWEGLWMSCVVQSTGQMQCKVYD
SLLALPQDLQAARALCVVTLLIVLLGLLVYLAGAKCTTCVEDRNSKSRLVLISGIIFVISGVLTLIPVCWTAH
SIIQDFYNPLVADAQKRELGASLYLGWAASGLLLLGGGLLCCACSSGGTQGPRHYMACYSTSVPHSRGPSE
YPTKNYV (서열번호 167)

마우스 CLDN6 서열, N-말단 세포외 도메인
>sp|Q9Z262|29-81
MWKVTAFIGNSIVVAQMVWEGLWMSCVVQSTGQMQCKVYDSLLALPQDLQAAR (서열번호 168)

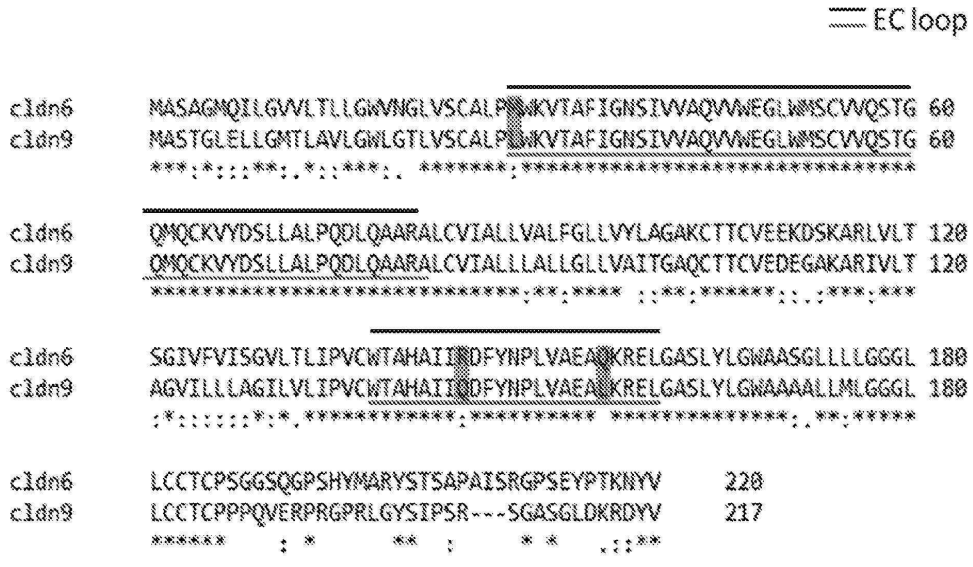
마우스 CLDN6 서열, C-말단 세포외 도메인
>sp|Q9Z262|138-163
WTAHSIIQDFYNPLVADAQKRELGAS (서열번호 169)

마카카 파스시쿨라리스 CLDN6 서열 (예측)
>tr|G7Q0B0
MASAGMQILGVVLTLLGWVNGLVSCALPMWKVTAFIGNSIVVAQVVWEGLWMSCVVQSTGQMQCKVY
DSLLALPQDLQAARALCVIALLVALFGLLVYLAGAKCTTCVEEKDSKARLVLTSGIVFVISGVLTLIPVCWT
AHAIIRDFYNPLVAEAQKRELGASLYLGWAASGLLLLGGGLLCCTCPSGGSRGPSHYMARYSTSAPAISRG
PSEYPTKNYV (서열번호 170)

마카카 파스시쿨라리스 CLDN6 서열, N-말단 세포외 도메인 (예측)
>tr|G7Q0B0|29-81
MWKVTAFIGNSIVVAQVVWEGLWMSCVVQSTGQMQCKVYDSLLALPQDLQAAR (서열번호 171)

마카카 파스시쿨라리스 CLDN6 서열, C-말단 세포외 도메인 (예측)
>tr|G7Q0B0|138-160
WTAHAIIRDFYNPLVAEAQKREL (서열번호 172)

도면12



도면13

mC6-30[CLDN6]

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLQQSGPELVKPGASVKISCKTSGYTFTEYTMHWVKQSPGKSLEWIGGIDPNNGNTHYNQKFKGKATLTVDKSSSTAYMELRSLTSEDSAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTTVTVSS	175
vhCDR1	EYTMH	176
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFKG	177
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	178
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSSSSFSVSLGDRVTITCKASEDIYNRLAWYQQKPGNVPRLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTLSITSLQTEDVTTYYCQQQYWSSPLTFGGGTKLEIK	179
vlCDR1	KASEDIYNRLA	180
vlCDR2	GATSLET	181
vlCDR3	QQYWSSPLT	182

>XENP34243 mC6-30

mC6-30 중쇄

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDSNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 183)

mC6-30 경쇄

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 184)

도면14

C6-30[CLDN6]_H1

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAP GQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMEL SSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	185
vhCDR1	EYTMH	186
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFQG	187
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	188

C6-30[CLDN6]_H2

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPG KSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSS LKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	189
vhCDR1	EYTMH	190
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFQG	191
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	192

C6-30[CLDN6]_L1

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKV PKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYC QQYWSSPLTFGGGTKVEIK	193
vlCDR1	QASEDIYNRLA	194
vlCDR2	GATSLET	195
vlCDR3	QQYWSSPLT	196

C6-30[CLDN6]_L2

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPDSLAVSLGERATINCKASEDIYNRLAWYQQKPGQV PKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTLTISSLQAEDVAVYY CQQYWSSPLTFGGGTKVEIK	197
vlCDR1	KASEDIYNRLA	198
vlCDR2	GATSLET	199
vlCDR3	QQYWSSPLT	200

도면15a

C6-30[CLDN6]_H1.1

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAP GQSLEWMGGISPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMEL SSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	201
vhCDR1	EYTMH	202
vhCDR2	GISPNNGNTHYNQKFQG	203
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	204

C6-30[CLDN6]_H1.2

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAP GQSLEWMGGINPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMEL SSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	205
vhCDR1	EYTMH	206
vhCDR2	GINPNNGNTHYNQKFQG	207
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	208

C6-30[CLDN6]_H1.3

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAP GQSLEWMGGIDSNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMEL SSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	209
vhCDR1	EYTMH	210
vhCDR2	GIDSNNGNTHYNQKFQG	211
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	212

C6-30[CLDN6]_H1.4

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAP GQSLEWMGGIDANNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMEL SSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	213
vhCDR1	EYTMH	214
vhCDR2	GIDANNGNTHYNQKFQG	215
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	216

C6-30[CLDN6]_H1.5

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAP GQSLEWMGGIDPQNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMEL SSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	217
vhCDR1	EYTMH	218
vhCDR2	GIDPQNGNTHYNQKFQG	219
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	220

도면15b

C6-30[CLDN6]_H1.6

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLE WMGGIDPNSGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAV YYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	221
vhCDR1	EYTMH	222
vhCDR2	GIDPNSGNTHYNQKFQG	223
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	224

C6-30[CLDN6]_H1.7

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLE WMGGIDPNQGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAV YYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	225
vhCDR1	EYTMH	226
vhCDR2	GIDPNQGNTHYNQKFQG	227
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	228

C6-30[CLDN6]_H1.8

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLE WMGGIDPNNDNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAV YYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	229
vhCDR1	EYTMH	230
vhCDR2	GIDPNNDNTHYNQKFQG	231
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	232

C6-30[CLDN6]_H1.9

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLE WMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAV YYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	233
vhCDR1	EYTMH	234
vhCDR2	GIDPNNANTHYNQKFQG	235
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	236

C6-30[CLDN6]_H1.19

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLE WMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAT YYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	237
vhCDR1	EYTMH	238
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFQG	239
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	240

도면15c

C6-30[CLDN6]_H1.22

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	241
vhCDR1	EYTMH	242
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFQG	243
vhCDR3	ILYFGRLYFDF	244

C6-30[CLDN6]_H1.24

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS	245
vhCDR1	EYTMH	246
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFQG	247
vhCDR3	IYYLGRLYFDF	248

C6-30[CLDN6]_H2.1

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGISPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	249
vhCDR1	EYTMH	250
vhCDR2	GISPNNGNTHYNQKFQG	251
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	252

C6-30[CLDN6]_H2.2

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGITPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	253
vhCDR1	EYTMH	254
vhCDR2	GITPNNGNTHYNQKFQG	255
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	256

C6-30[CLDN6]_H2.3

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDSNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	257
vhCDR1	EYTMH	258
vhCDR2	GIDSNNGNTHYNQKFQG	259
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	260

도면15d

C6-30[CLDN6]_H2.4

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDGNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	261
vhCDR1	EYTMH	262
vhCDR2	GIDGNNGNTHYNQKFQG	263
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	264

C6-30[CLDN6]_H2.5

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPQNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	265
vhCDR1	EYTMH	266
vhCDR2	GIDPQNGNTHYNQKFQG	267
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	268

C6-30[CLDN6]_H2.6

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNDGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	269
vhCDR1	EYTMH	270
vhCDR2	GIDPNDGNTHYNQKFQG	271
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	272

C6-30[CLDN6]_H2.7

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNQGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	273
vhCDR1	EYTMH	274
vhCDR2	GIDPNQGNTHYNQKFQG	275
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	276

C6-30[CLDN6]_H2.8

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNDNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	277
vhCDR1	EYTMH	278
vhCDR2	GIDPNNDNTHYNQKFQG	279
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	280

도면15e

C6-30[CLDN6]_H2.9

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNANTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	281
vhCDR1	EYTMH	282
vhCDR2	GIDPNNANTHYNQKFQG	283
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	284

C6-30[CLDN6]_H2.11

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYSFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	285
vhCDR1	EYTMH	286
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFQG	287
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	288

C6-30[CLDN6]_H2.12

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYDFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	289
vhCDR1	EYTMH	290
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFQG	291
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	292

C6-30[CLDN6]_H2.71

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDLNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	293
vhCDR1	EYTMH	294
vhCDR2	GIDLNNGNTHYNQKFQG	295
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	296

C6-30[CLDN6]_H2.75

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPHNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	297
vhCDR1	EYTMH	298
vhCDR2	GIDPHNGNTHYNQKFQG	299
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	300

도면15f

C6-30[CLDN6]_H2.90

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNLNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	301
vhCDR1	EYTMH	302
vhCDR2	GIDPNNLNTHYNQKFQG	303
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	304

C6-30[CLDN6]_H2.91

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	305
vhCDR1	EYTMH	306
vhCDR2	GIDPNNFNTHYNQKFQG	307
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	308

C6-30[CLDN6]_H2.118

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNGNTHYNQKKQGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	309
vhCDR1	EYTMH	310
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKKQG	311
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	312

C6-30[CLDN6]_H2.119

	서열	서열번호
가변 중쇄(vh) 도메인	EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEW MGGIDPNNGNTHYNQKFEGHVTISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMY YCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS	313
vhCDR1	EYTMH	314
vhCDR2	GIDPNNGNTHYNQKFEG	315
vhCDR3	IYYFGRLYFDF	316

C6-30[CLDN6]_L1.1

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTF GGGTKVEIK	317
vlCDR1	QASQDIYNRLA	318
vlCDR2	GATSLET	319
vlCDR3	QQYWSSPLT	320

도면15g

C6-30[CLDN6]_L1.4

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDVYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK	321
vlCDR1	QASEDVYNRLA	322
vlCDR2	GATSLET	323
vlCDR3	QQYWSSPLT	324

C6-30[CLDN6]_L1.7

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYSRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK	325
vlCDR1	QASEDIYSRLA	326
vlCDR2	GATSLET	327
vlCDR3	QQYWSSPLT	328

C6-30[CLDN6]_L1.16

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISAATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK	329
vlCDR1	QASEDIYNRLA	330
vlCDR2	AATSLET	331
vlCDR3	QQYWSSPLT	332

C6-30[CLDN6]_L1.18

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGTTSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK	333
vlCDR1	QASEDIYNRLA	334
vlCDR2	GTTSLET	335
vlCDR3	QQYWSSPLT	336

도면15h

C6-30[CLDN6]_L1.19

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GASSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFG GGTKVEIK	337
vlCDR1	QASEDIYNRLA	338
vlCDR2	GASSLET	339
vlCDR3	QQYWSSPLT	340

C6-30[CLDN6]_L1.21

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATNLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTF GGGTKVEIK	341
vlCDR1	QASEDIYNRLA	342
vlCDR2	GATNLET	343
vlCDR3	QQYWSSPLT	344

C6-30[CLDN6]_L1.22

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATQLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTF GGGTKVEIK	345
vlCDR1	QASEDIYNRLA	346
vlCDR2	GATQLET	347
vlCDR3	QQYWSSPLT	348

C6-30[CLDN6]_L1.23

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSRETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTF GGGTKVEIK	349
vlCDR1	QASEDIYNRLA	350
vlCDR2	GATSRET	351
vlCDR3	QQYWSSPLT	352

도면15i

C6-30[CLDN6]_L1.27

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSLESGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFG GGTKVEIK	353
vlCDR1	QASEDIYNRLA	354
vlCDR2	GATSLES	355
vlCDR3	QQYWSSPLT	356

C6-30[CLDN6]_L1.60

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQLWSSPLTFG GGTKVEIK	357
vlCDR1	QASEDIYNRLA	358
vlCDR2	GATSLET	359
vlCDR3	QQLWSSPLT	360

C6-30[CLDN6]_L1.107

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIVNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTF GGGTKVEIK	361
vlCDR1	QASEDIVNRLA	362
vlCDR2	GATSLET	363
vlCDR3	QQYWSSPLT	364

C6-30[CLDN6]_L1.114

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYLRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTF GGGTKVEIK	365
vlCDR1	QASEDIYLRLA	366
vlCDR2	GATSLET	367
vlCDR3	QQYWSSPLT	368

도면15j

C6-30[CLDN6]_L1.187

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTF GGGTKVEIK	369
vlCDR1	QASEDIYNRLA	370
vlCDR2	GATSLET	371
vlCDR3	QQYWSAPLT	372

C6-30[CLDN6]_L1.189

	서열	서열번호
가변 경쇄(vl) 도메인	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLIS GATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTF GGGTKVEIK	373
vlCDR1	QASEDIYNRLA	374
vlCDR2	GATSLET	375
vlCDR3	QQYWSGPLT	376

도면16a

>XENP34218 C6-30[CLDN6]_H1_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 377)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 378)

>XENP34219 C6-30[CLDN6]_H1_L2_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 379)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L2
DIQMTQSPDSLAVSLGERATINCKASEDIYNRLAWYQQKPGQVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
LTISSLQAEDVAVYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREA
KVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 380)

>XENP34220 C6-30[CLDN6]_H2_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 381)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 382)

도면16b

>XENP34221 C6-30[CLDN6]_H2_L2_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 383)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L2

DIQMTQSPDSLAVSLGERATINCKASEDIYNRLAWYQQKPGQVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
LTISSLQAEDVAVYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREA
KVQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 384)

>XENP35044 C6-30[CLDN6]_H2_L1.1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 385)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASQDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSF
(서열번호 386)

>XENP35047 C6-30[CLDN6]_H2_L1.4_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 387)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.4

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDVYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 388)

도면16c

>XENP35050 C6-30[CLDN6]_H2_L1.7_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 389)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.7
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYSRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTF
TISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV
QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 390)

>XENP35059 C6-30[CLDN6]_H2_L1.16_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 391)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.16
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISAATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 392)

>XENP35061 C6-30[CLDN6]_H2_L1.18_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 393)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.18
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGTTSLETGVPSRFSGSGSGKDYTF
TISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV
QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 394)

도면16d

>XENP35062 C6-30[CLDN6]_H2_L1.19_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 395)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.19

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGASSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 396)

>XENP35064 C6-30[CLDN6]_H2_L1.21_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 397)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.21

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATNLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 398)

>XENP35065 C6-30[CLDN6]_H2_L1.22_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 399)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.22

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATQLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 400)

도면16e

>XENP35066 C6-30[CLDN6]_H2_L1.23_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 401)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.23

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSRETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 402)

>XENP35070 C6-30[CLDN6]_H2_L1.27_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 403)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.27

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLESGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 404)

>XENP35085 C6-30[CLDN6]_H1.1_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.1

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGISPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 405)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 406)

도면16f

>XENP35086 C6-30[CLDN6]_H1.2_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.2

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGINPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 407)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 408)

>XENP35087 C6-30[CLDN6]_H1.3_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.3

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDSNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 409)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 410)

>XENP35088 C6-30[CLDN6]_H1.4_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.4

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDANNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 411)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 412)

도면16g

>XENP35089 C6-30[CLDN6]_H1.5_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.5

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPQNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 413)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 414)

>XENP35090 C6-30[CLDN6]_H1.6_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.6

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNSGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 415)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 416)

>XENP35091 C6-30[CLDN6]_H1.7_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.7

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNQGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 417)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 418)

도면16h

>XENP35092 C6-30[CLDN6]_H1.8_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.8
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNDNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 419)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 420)

>XENP35093 C6-30[CLDN6]_H1.9_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.9
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 421)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 422)

>XENP35094 C6-30[CLDN6]_H2.1_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.1
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGISPNNGNTHYNQKFQGHVTI
SVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTK
VDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 423)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 424)

도면16i

>XENP35095 C6-30[CLDN6]_H2.2_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGITPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 425)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 426)

>XENP35096 C6-30[CLDN6]_H2.3_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.3

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDSNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 427)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 428)

>XENP35097 C6-30[CLDN6]_H2.4_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.4

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDGNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 429)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 430)

도면16j

>XENP35098 C6-30[CLDN6]_H2.5_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.5

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPQNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 431)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 432)

>XENP35099 C6-30[CLDN6]_H2.6_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.6

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNDGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 433)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 434)

>XENP35100 C6-30[CLDN6]_H2.7_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.7

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNQGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 435)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 436)

도면16k

>XENP35101 C6-30[CLDN6]_H2.8_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.8

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNDNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 437)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 438)

>XENP35102 C6-30[CLDN6]_H2.9_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.9

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 439)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 440)

>XENP35865 C6-30[CLDN6]_H2_L1.60_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 441)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.60

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQLWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 442)

도면161

>XENP35883 C6-30[CLDN6]_H1.19_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.19
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTATYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 443)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 444)

>XENP35886 C6-30[CLDN6]_H1.22_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.22
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 445)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 446)

>XENP35888 C6-30[CLDN6]_H1.24_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.24
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 447)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 448)

도면16m

>XENP35890 C6-30[CLDN6]_H2.11_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.11

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYSFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 449)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 450)

>XENP35891 C6-30[CLDN6]_H2.12_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.12

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYDFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 451)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 452)

>XENP35979 C6-30[CLDN6]_H2_L1.187_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 453)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 454)

도면16n

>XENP35981 C6-30[CLDN6]_H2_L1.189_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 455)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 456)

>XENP35929 C6-30[CLDN6]_H2_L1.107_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 457)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.107

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIVNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 458)

>XENP35936 C6-30[CLDN6]_H2_L1.114_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 459)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.114

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYLRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTF
TISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKV
QWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 460)

도면16o

>XENP36021 C6-30[CLDN6]_H2.71_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.71
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDLNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 461)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 462)

>XENP36022 C6-30[CLDN6]_H2.72_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.72
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDANNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 463)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 464)

>XENP36025 C6-30[CLDN6]_H2.75_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.75
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPHNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 465)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 466)

도면16p

>XENP36040 C6-30[CLDN6]_H2.90_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.90

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNLNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 467)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 468)

>XENP36041 C6-30[CLDN6]_H2.91_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.91

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTI
SVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTK
VDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 469)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 470)

>XENP36065 C6-30[CLDN6]_H2.118_L1_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.118

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKKQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 471)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 472)

도면16q

>XENP36066 C6-30[CLDN6]_H2.119_L1_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.119
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFEGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 473)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 474)

>XENP36956 C6-30[CLDN6]_H1.22_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.22
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 475)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 476)

>XENP36960 C6-30[CLDN6]_H1.22_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.22
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 477)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 478)

도면16r

>XENP36968 C6-30[CLDN6]_H2.3_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.3
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDSNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 479)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 480)

>XENP36963 C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.9
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 481)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 482)

>XENP36964 C6-30[CLDN6]_H2.3_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.3
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDSNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 483)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 484)

도면16s

>XENP36965 C6-30[CLDN6]_H2.12_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.12
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYDFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 485)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 486)

>XENP36957 C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.24
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 487)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 488)

>XENP36958 C6-30[CLDN6]_H1.19_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.19
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTATYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 489)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 490)

도면16t

>XENP36959 C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.9
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 491)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 492)

>XENP36961 C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.24
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 493)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 494)

>XENP36962 C6-30[CLDN6]_H1.19_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1.19
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTATYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 495)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 496)

도면16u

>XENP36966 C6-30[CLDN6]_H2.91_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.91
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTI
SVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTK
VDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 497)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 498)

>XENP36967 C6-30[CLDN6]_H2.118_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.118
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKKQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 499)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 500)

>XENP36969 C6-30[CLDN6]_H2.12_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.12
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYDFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 501)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 502)

도면16v

>XENP36970 C6-30[CLDN6]_H2.91_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.91
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTI
SVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGG
TAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTK
VDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGV
EVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLP
PSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 503)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 504)

>XENP36972 C6-30[CLDN6]_H1_L1.187_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 505)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.187
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 506)

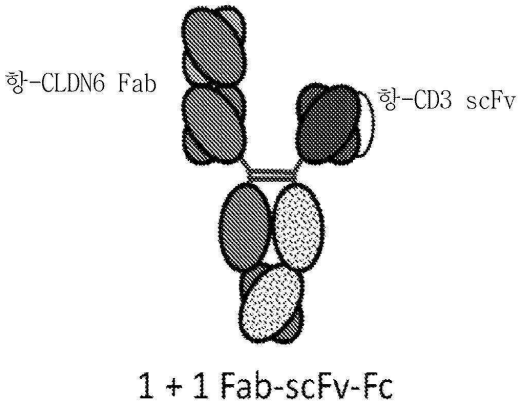
>XENP36971 C6-30[CLDN6]_H2.118_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H2.118
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKKQGHVT
ISVDKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 507)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 508)

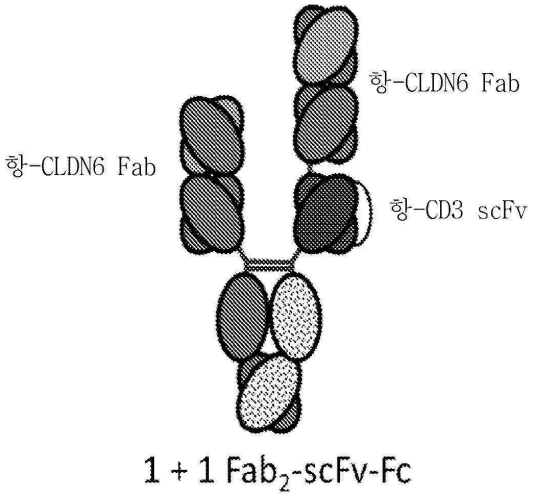
>XENP36973 C6-30[CLDN6]_H1_L1.189_IgG1_PVA_/S267K
중쇄 - C6-30[CLDN6]_H1
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRV
TITVDKSASTAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSG
GTAALGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNT
KVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDG
VEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTL
PPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 509)

경쇄 - C6-30[CLDN6]_L1.189
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYT
FTISSLQPEDIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 510)

도면17a



도면17b



도면18

>XENP26863 mAb206-LCC[CLDN6]_H0L0_IgG1_PVA_/S267K

중쇄 - mAb206-LCC[CLDN6]_H0

EVQLQQSGPELVKPGASMKISCKASGYSFTGYTMNWVKQSHGKNLEWIGLINPYNGGTIYNQKFKGKATL
TVDKSSSTAYMELLSLTSEDSAVYYCARDYGFVLDYWGQGTTLTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAA
LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVD
KKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEV
HNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR
EEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSC
SVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 511)

경쇄 - mAb206-LCC[CLDN6]_L0

QIVLTQSPAIMSASPGEKVTITCSASSSVSYLHWFQQKPGTSPKLWVYSTSNLPSGVPARFGGSGSGTSYSLT
ISRMEAEDAATYYCQQRSIYPPWTFGGGTKLEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 512)

>XENP26849 mAb206-LCC[CLDN6]_H0L0_Fab-[항-CD3]_H1.30_L1.47_scFv(GKPGS)4-IgG1_pI(-)_등입체성_A_/PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - mAb206-LCC[CLDN6]_H0_IgG1_pI(-)_등입체성_A_/PVA_/S267K/L368D/K370S

EVQLQQSGPELVKPGASMKISCKASGYSFTGYTMNWVKQSHGKNLEWIGLINPYNGGTIYNQKFKGKATL
TVDKSSSTAYMELLSLTSEDSAVYYCARDYGFVLDYWGQGTTLTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAA
LGCLVKDYFPEPVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVD
KKVEPKSCDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEV
HNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSR
EEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCS
VMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 513)

사슬 2 - [항-CD3]_H1.30_L1.47_scFv(GKPGS)4_Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADSVKGR
FTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKP
GSGKPGS/QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPAR
FSGSLLGGKAALTISGAQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSV
FLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLH
QDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVE
WESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK
(서열번호 514)

사슬 3 - mAb206-LCC[CLDN6]_L0

QIVLTQSPAIMSASPGEKVTITCSASSSVSYLHWFQQKPGTSPKLWVYSTSNLPSGVPARFGGSGSGTSYSLT
ISRMEAEDAATYYCQQRSIYPPWTFGGGTKLEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAK
VQWKVDNALQSGNSQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC
(서열번호 515)

도면19

>XENP34229 C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab-[항-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4-IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 516)

사슬 2 - [항-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4_Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPE
VKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVY
TLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSV
MHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 517)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 518)

>XENP34637 C6-30[CLDN6]_H2_L1-[항-CD3]_H1.30_L1.47_scFv(GKPGS)4-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H2_L1_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPP
VAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQD
WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNY
KTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 519)

사슬 2 - [항-CD3]_H1.30_L1.47_scFv(GKPGS)4_Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q
EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGFTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDS
KNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGNFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/QAVVTQE
PSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGAQPEDEA
DYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDP
EVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQV
YTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCS
VMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 520)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 521)

도면20

>XENP35385 C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab-[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4-IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 522)

사슬 2 - [항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPE
VKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVY
TLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSV
MHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 523)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 524)

>XENP35387 C6-30[CLDN6]_H2_L1_Fab-[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4-IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H2_IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPP
VAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQD
WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNY
KTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 525)

사슬 2 - [항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_Fc(216)_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/EPKSSDKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPE
VKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVY
TLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSV
MHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 526)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 527)

도면21a

>XENP34233 C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab-C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 528)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 529)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1_경쇄

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 530)

도면21b

>XENP34638 C6-30[CLDN6]_H2_L1_Fab-C6-30[CLDN6]_H2_L1_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H2_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPP
VAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQD
WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNY
KTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 531)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H2_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/Q
AVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGA
QPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGF
TFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGN
FGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKH
EDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
PQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVF
SCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 532)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 533)

도면22a

>XENP35386 C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab-C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 534)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 535)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 536)

>XENP35388 C6-30[CLDN6]_H2_L1_Fab-C6-30[CLDN6]_H2_L1_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H2_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPP
VAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQD
WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNY
KTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 537)

도면22b

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H2_L1_Fab_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/Q
AVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGA
QPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGF
TFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGN
FGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKH
EDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
PQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVF
SCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 538)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_ L1_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSSPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 539)

>XENP37227 C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 540)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 541)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 542)

도면22c

>XENP37228 C6-30[CLDN6]_H1.19_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.19_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.19_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTATYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 543)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.19_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTATYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 544)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 545)

>XENP37229 C6-30[CLDN6]_H1.22_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.22_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.22_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 546)

도면22d

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.22_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 547)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 548)

>XENP37230 C6-30[CLDN6]_H1.22_L1.189_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.22_L1.189_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.22_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 549)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.22_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARILYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 550)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.189_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 551)

도면22e

>XENP37231 C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.24_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 552)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.24_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 553)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_ L1.187_경쇄

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 554)

>XENP37232 C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.189_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.189_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.24_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 555)

도면22f

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.24_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 556)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.189_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSGPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 557)

>XENP37233 C6-30[CLDN6]_H2.91_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H2.91_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_동일체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H2.91_IgG1_pI(-)_동일체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPP
VAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQD
WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNY
KTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 558)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H2.91_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/Q
AVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGA
QPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGF
TFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGN
FGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKH
EDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
PQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVF
SCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 559)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 560)

도면22g

>XENP37547 C6-30[CLDN6]_H2.91_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H2.91_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S/M428L/N434S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H2.91_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAPP
VAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQD
WLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENNY
KTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 561)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H2.91_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

EVQLVQSGAEVKKPGESLRISCKTSGYTFTEYTMHWVRQMPGKSLEWMGGIDPNNFNTHYNQKFQGHVTISVDKSIST
AYLQWSSLKASDTAMYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPEP
VTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/Q
AVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISGA
QPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASGF
TFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHGN
FGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKH
EDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPRE
PQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVF
SCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 562)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 563)

>XENP37545 C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.24_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S/M428L/N434S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.24_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 564)

도면22h

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.24_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNGNTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYLGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 565)

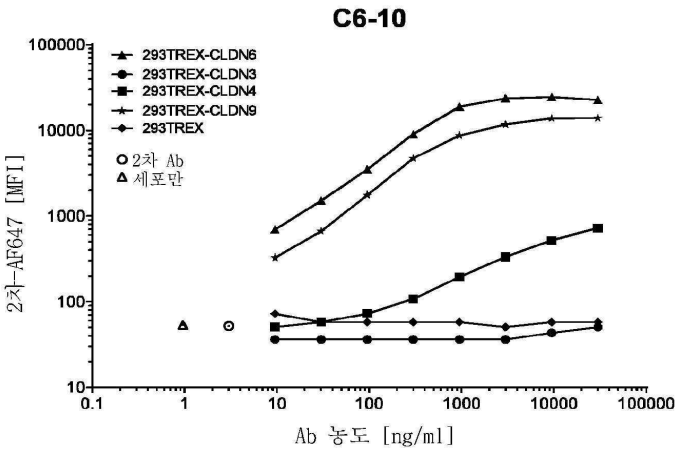
사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 566)

>XENP37541 C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등일체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S/M428L/N434S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S
사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_등일체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 567)

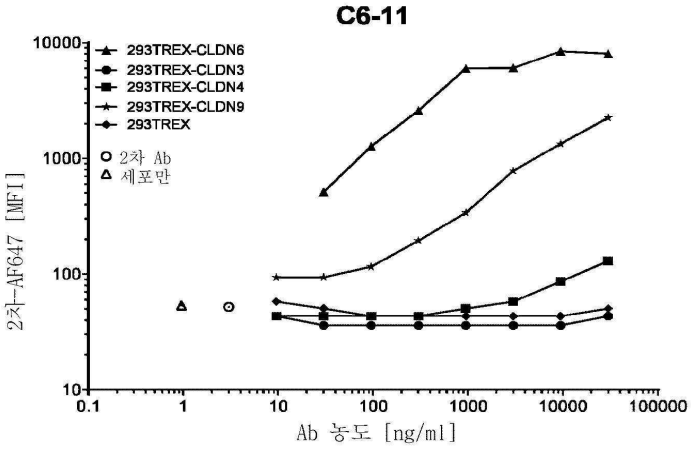
사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S
QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 568)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄
DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 569)

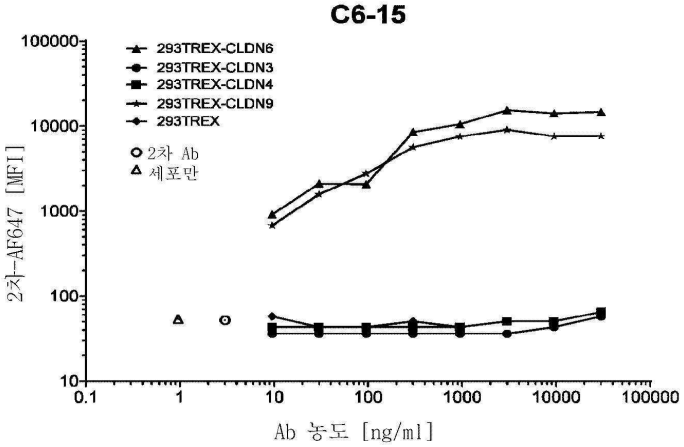
도면23a



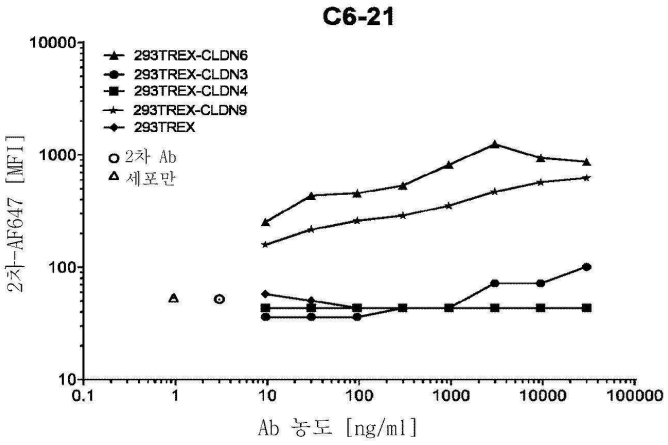
도면23b



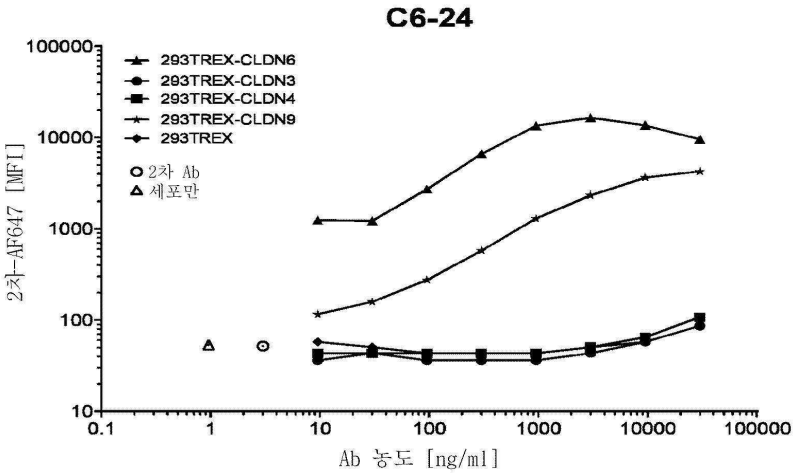
도면23c



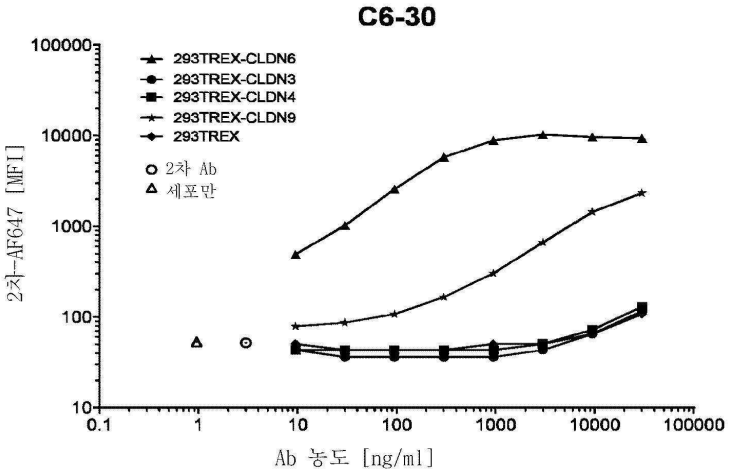
도면23d



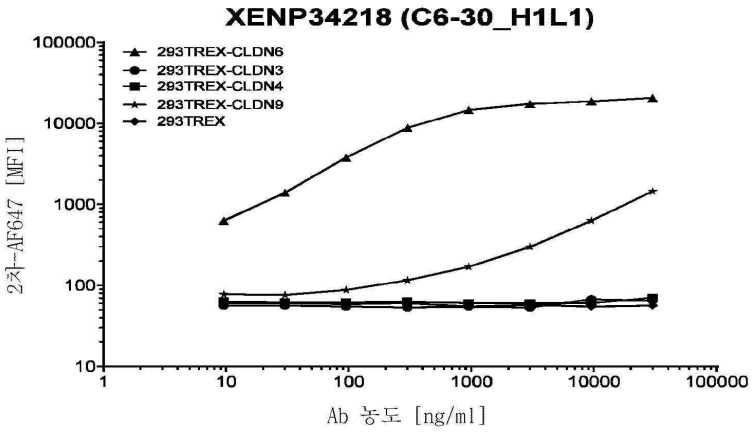
도면23e



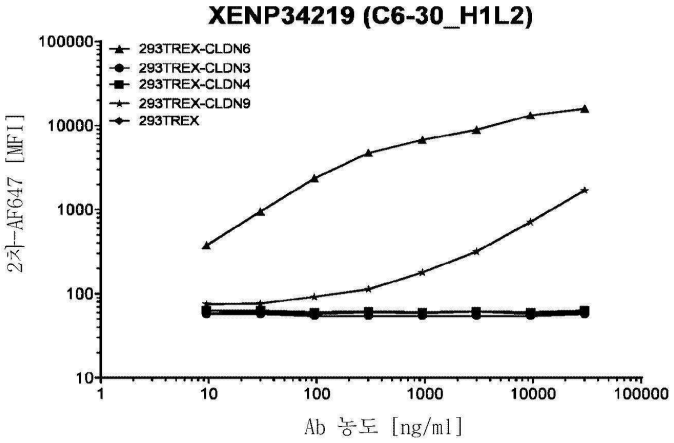
도면23f



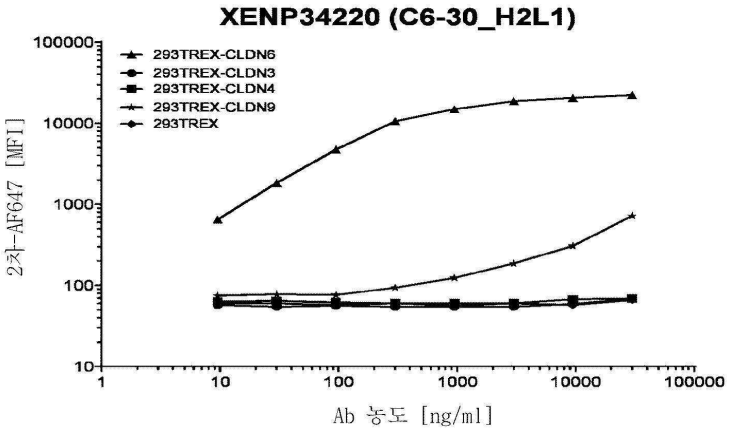
도면24a



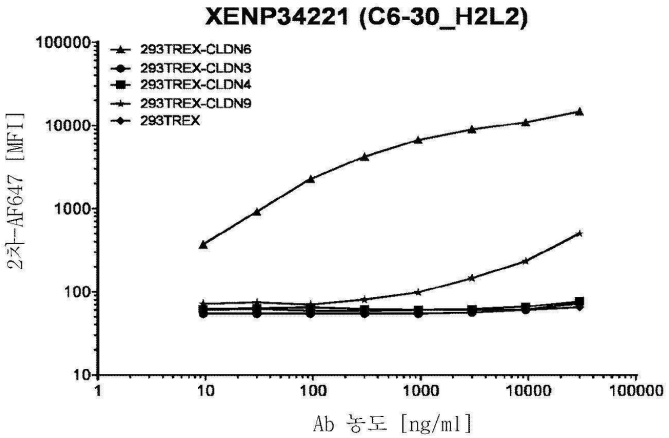
도면24b



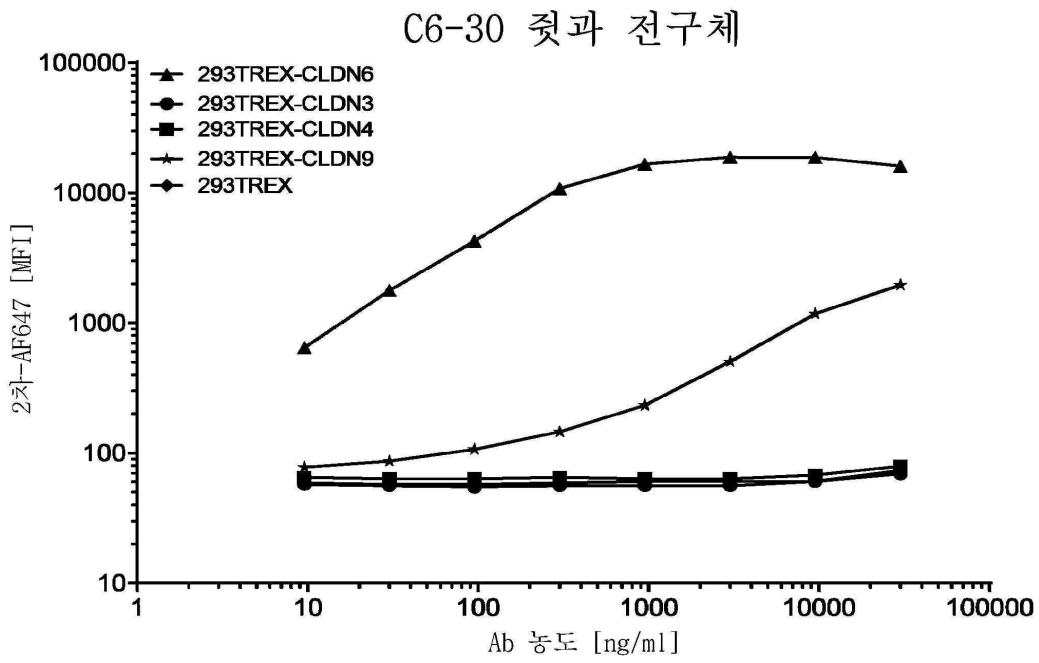
도면24c



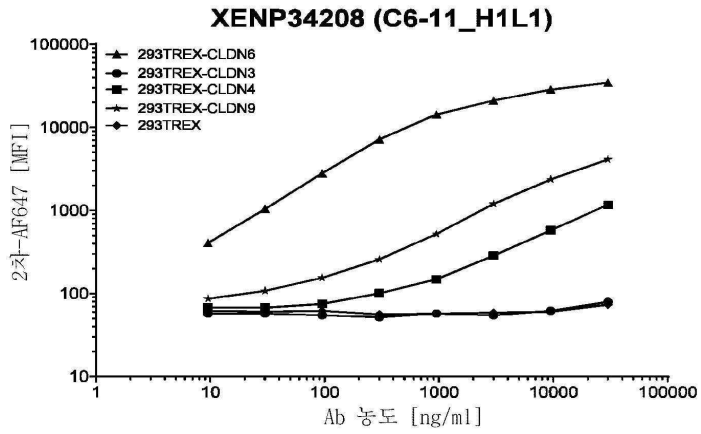
도면24d



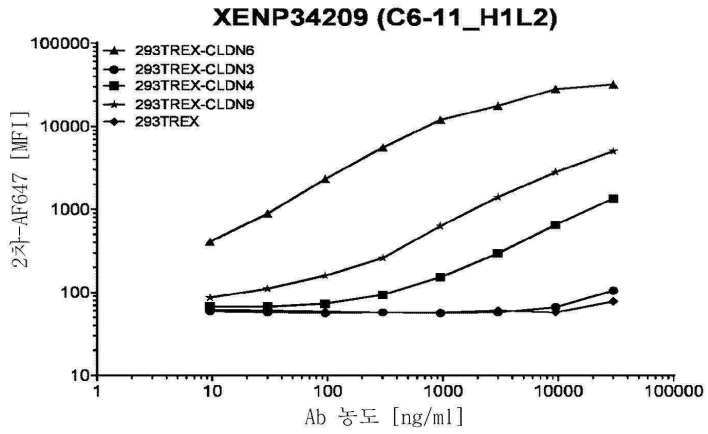
도면24e



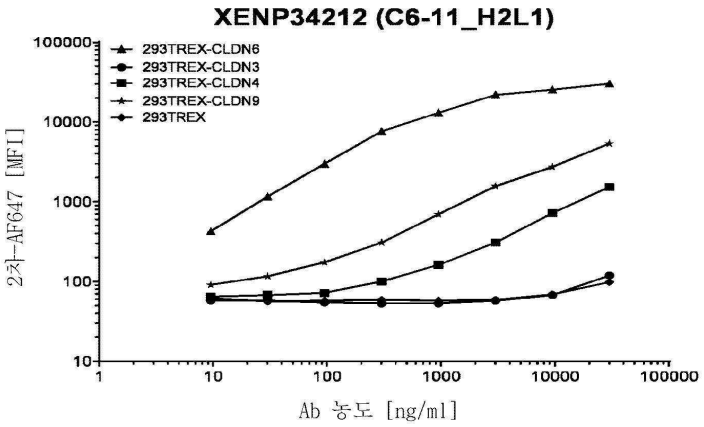
도면25a



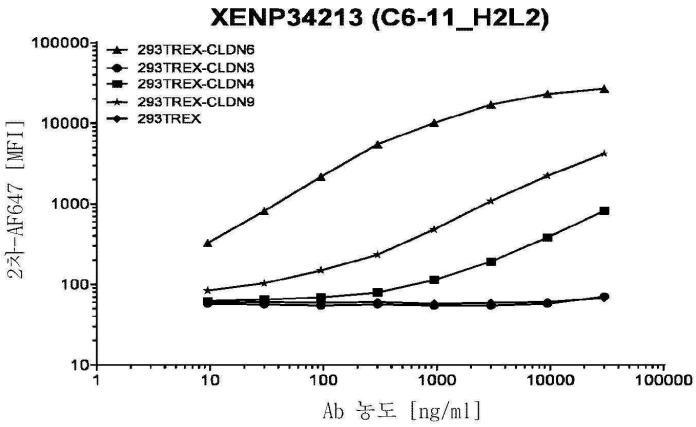
도면25b



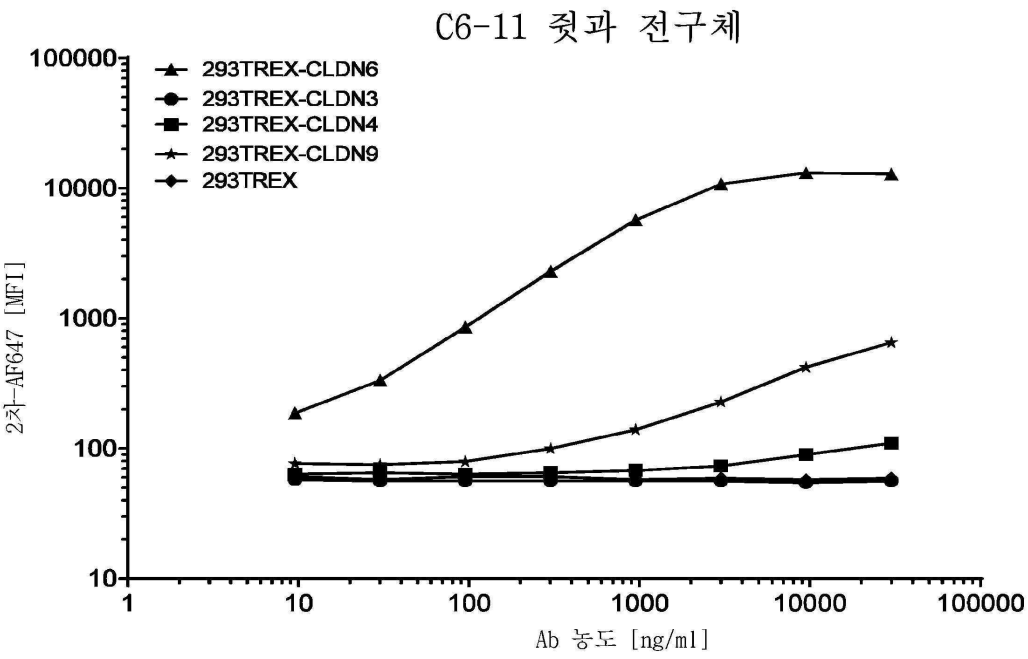
도면25c



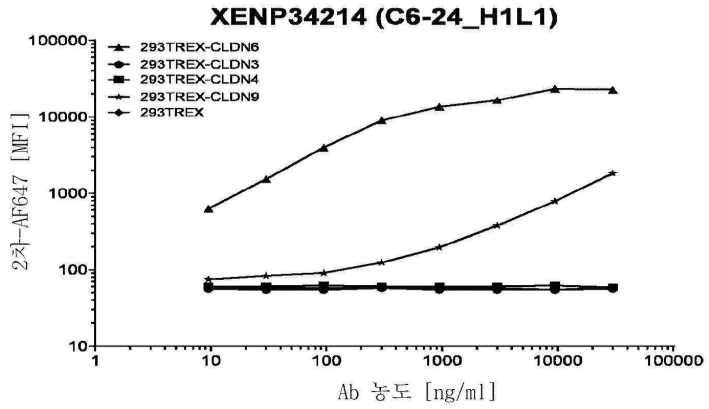
도면25d



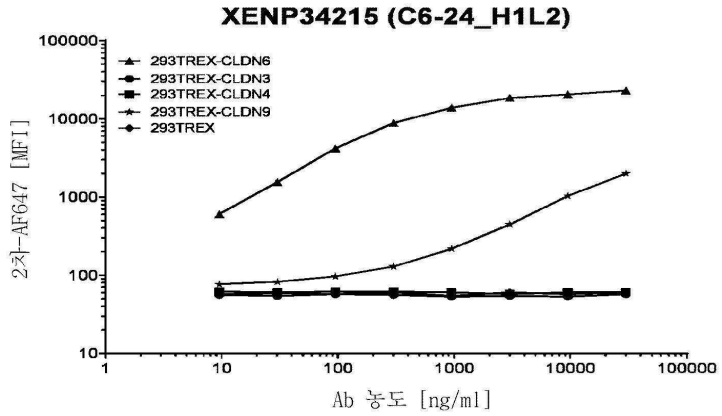
도면25e



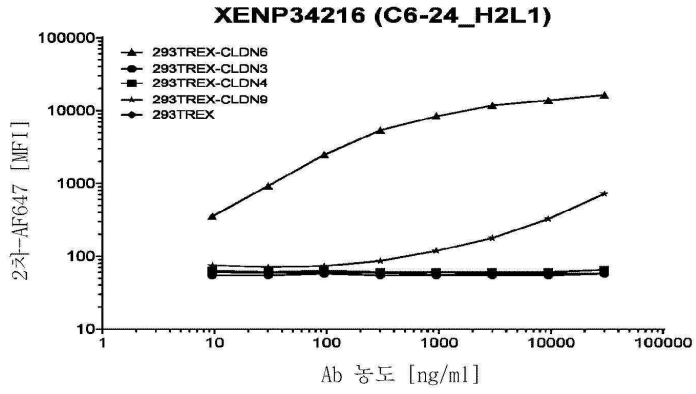
도면26a



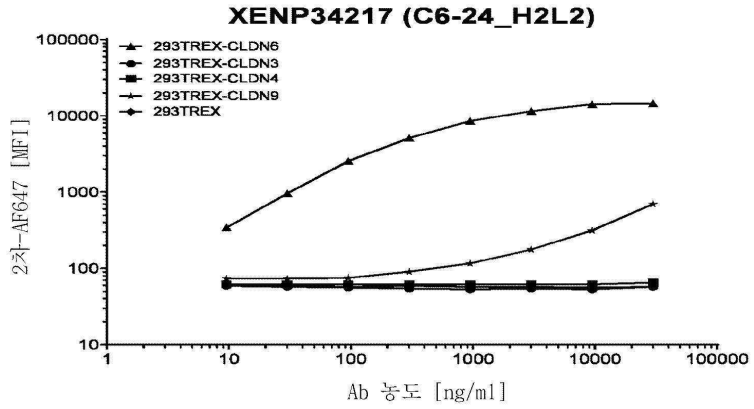
도면26b



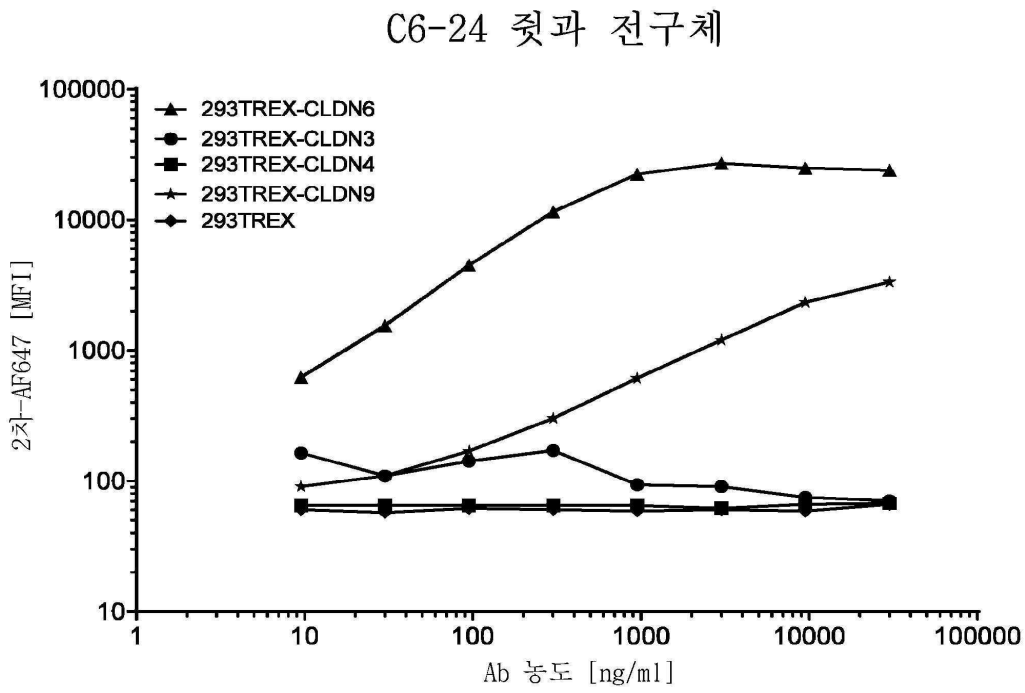
도면26c



도면26d


XENP34217 (C6-24_H2L2)
293TREX-CLDN6
293TREX-CLDN3
293TREX-CLDN4
293TREX-CLDN9
293TREX
2차-AF647 [MFI]
100000
10000
1000
100
10
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]

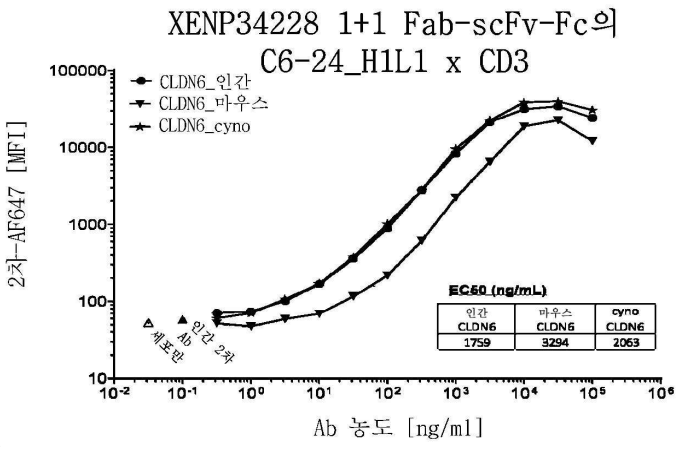
도면26e


C6-24 쥣과 전구체
293TREX-CLDN6
293TREX-CLDN3
293TREX-CLDN4
293TREX-CLDN9
293TREX
2차-AF647 [MFI]
100000
10000
1000
100
10
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]

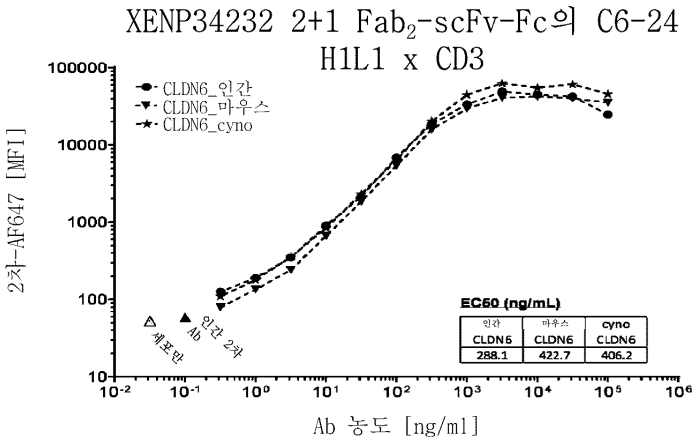
도면27

	C6-30 변이체	VH 돌연변이 (Kabat)	추정한 CLDN6 EC50 (ng/mL)	추정한 CLDN9 EC50 (ng/mL)	추정한 CLDN9/CLDN6 EC50 비	30.1 H2L1 에 대해 정규화된 CLDN9/CLDN6 EC50 비
XENP34220	H2L1	-	870.8	5821.0	6.7	1.0
XENP35085	H1.1_L1	D52S	2509.0	15452.5	6.2	0.9
XENP35086	H1.2_L1	D52N	1459.0	12133.9	8.3	1.2
XENP35087	H1.3_L1	P52aS	685.5	2818.4	4.1	0.6
XENP35088	H1.4_L1	P52aA	1124.0	5333.3	4.7	0.7
XENP35089	H1.5_L1	N53Q	1696.0	12560.3	7.4	1.1
XENP35091	H1.7_L1	N54Q	666.9	3357.4	5.0	0.8
XENP35092	H1.8_L1	G55D	2017.0	7261.1	3.6	0.5
XENP35093	H1.9_L1	G55A	1042.0	7430.2	7.1	1.1
XENP35094	H2.1_L1	D52S	1802.0	9817.5	5.4	0.8
XENP35095	H2.2_L1	D52T	2111.0	11912.4	5.6	0.8
XENP35096	H2.3_L1	P52aS	1001.0	5116.8	5.1	0.8
XENP35097	H2.4_L1	P52aG	1190.0	4446.3	3.7	0.6
XENP35098	H2.5_L1	N53Q	2204.0	7063.2	3.2	0.5
XENP35099	H2.6_L1	N54D	1628.0	13458.6	8.3	1.2
XENP35100	H2.7_L1	N54Q	800.6	3556.3	4.4	0.7
XENP35101	H2.8_L1	G55D	1190.0	9183.3	7.7	1.2

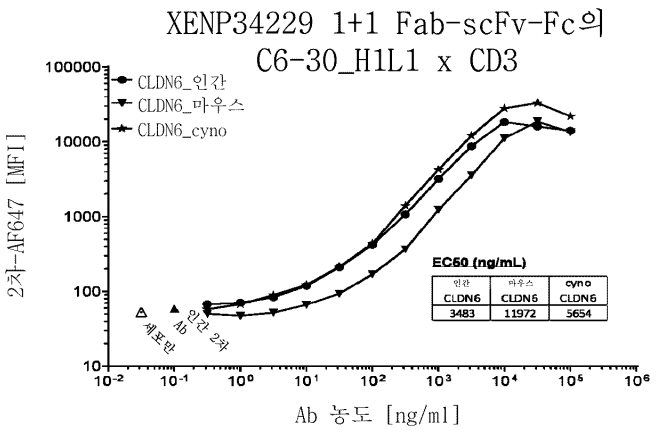
도면28a



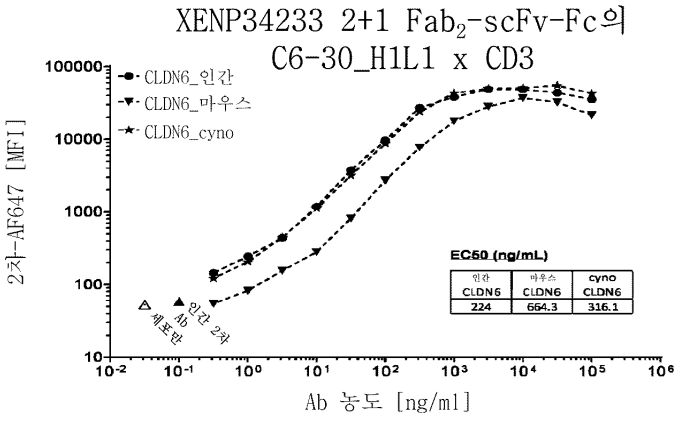
도면28b



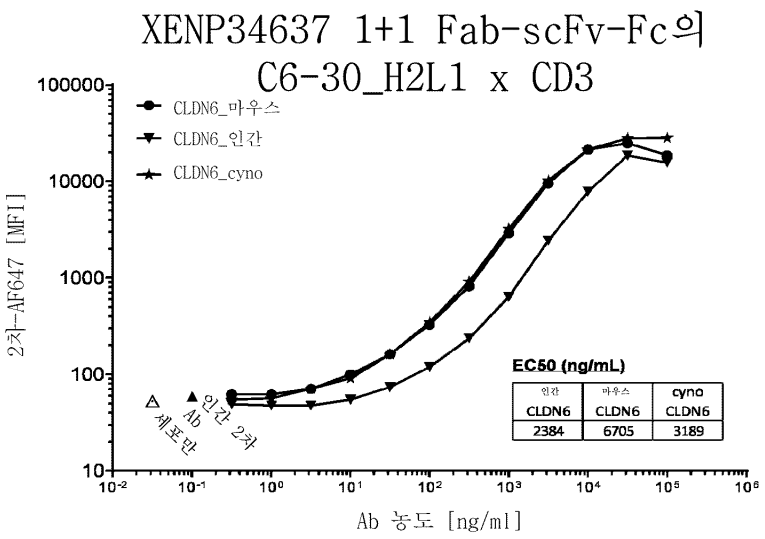
도면28c



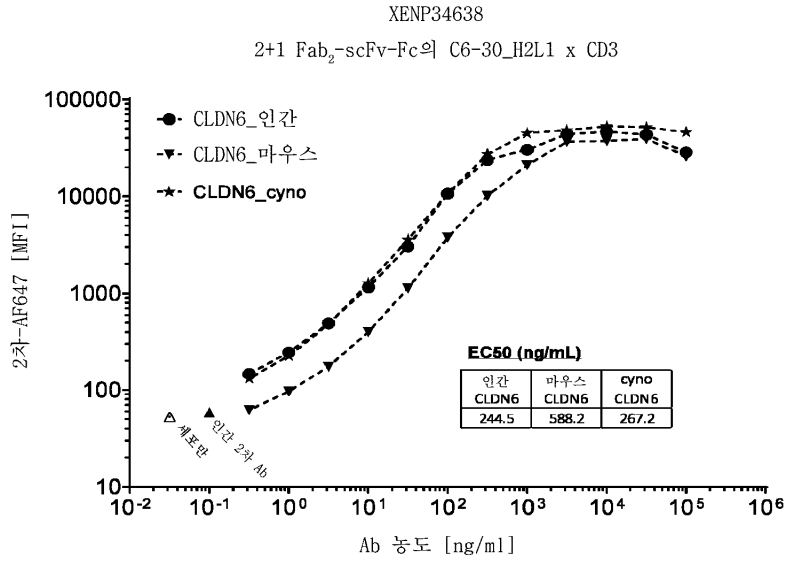
도면28d



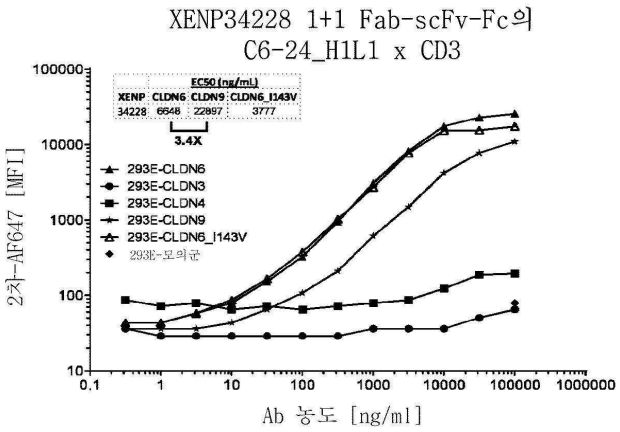
도면28e



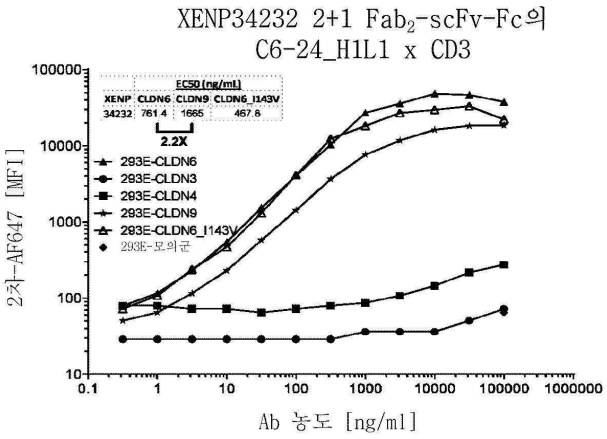
도면28f



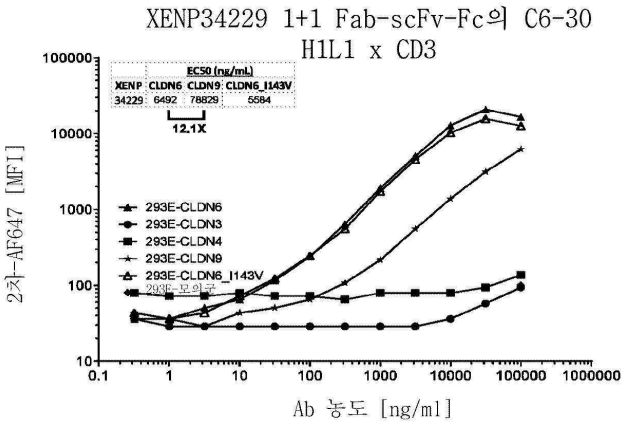
도면29a



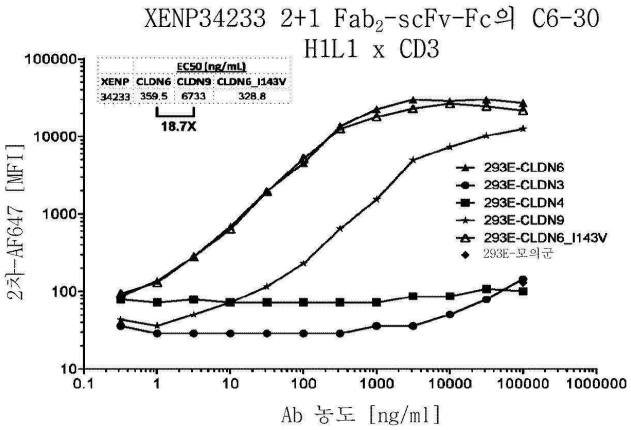
도면29b



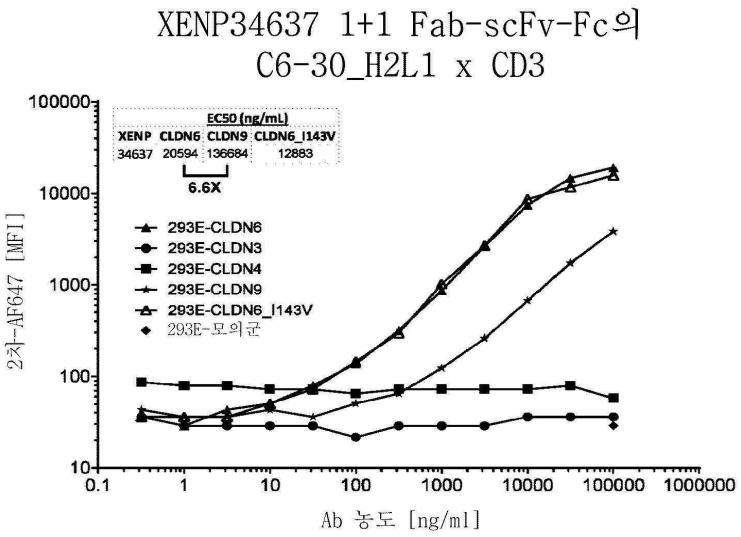
도면29c



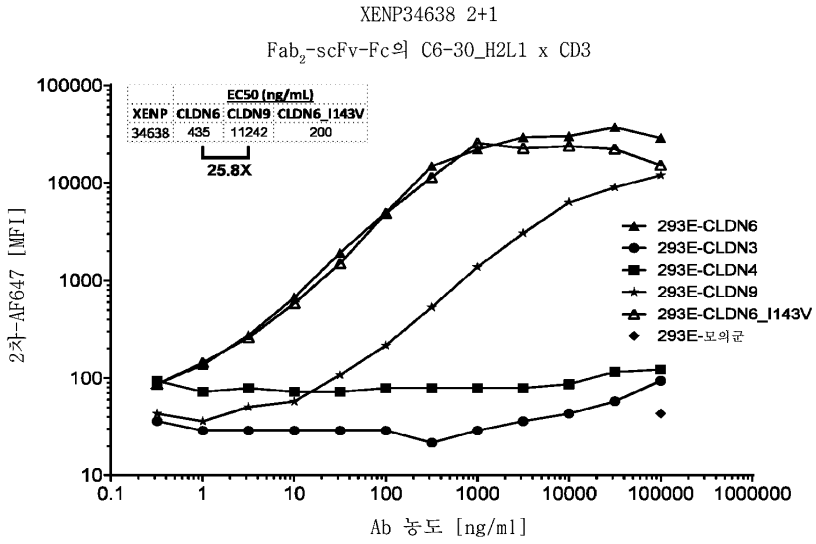
도면29d



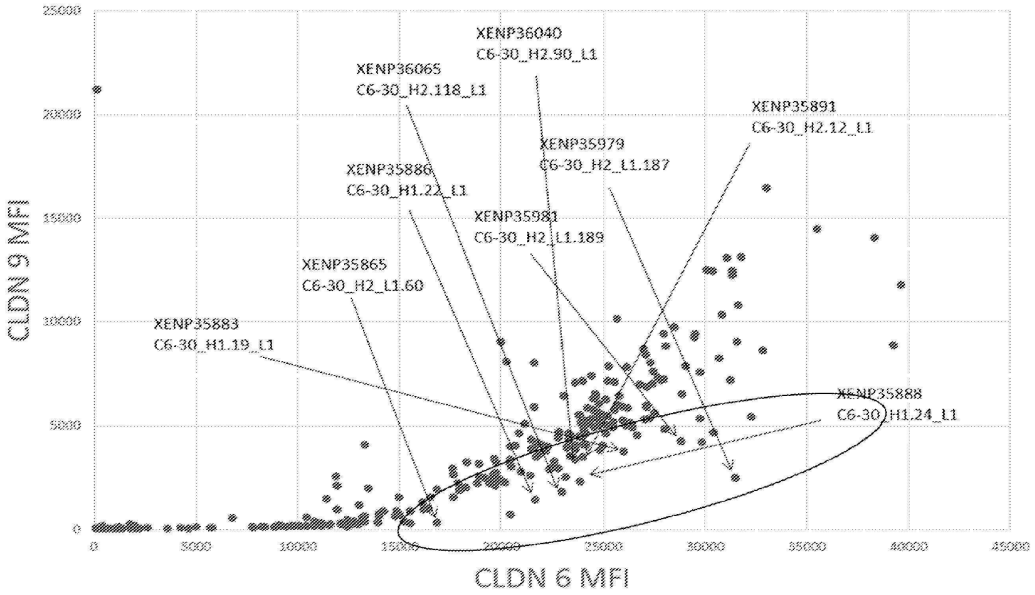
도면29e


XENP34637 1+1 Fab-scFv-Fc의
C6-30_H2L1 x CD3
EC50 (ng/mL)
XENP CLDN6 CLDN9 CLDN6_I143V
34637 20594 136684 12883
6.6X
293E-CLDN6
293E-CLDN3
293E-CLDN4
293E-CLDN9
293E-CLDN6_I143V
293E-모의군
2차-AF647 [MFI]
Ab 농도 [ng/ml]

도면29f


XENP34638 2+1
Fab2-scFv-Fc의 C6-30_H2L1 x CD3
EC50 (ng/mL)
XENP CLDN6 CLDN9 CLDN6_I143V
34638 435 11242 200
25.8X
293E-CLDN6
293E-CLDN3
293E-CLDN4
293E-CLDN9
293E-CLDN6_I143V
293E-모의군
2차-AF647 [MFI]
Ab 농도 [ng/ml]

도면30



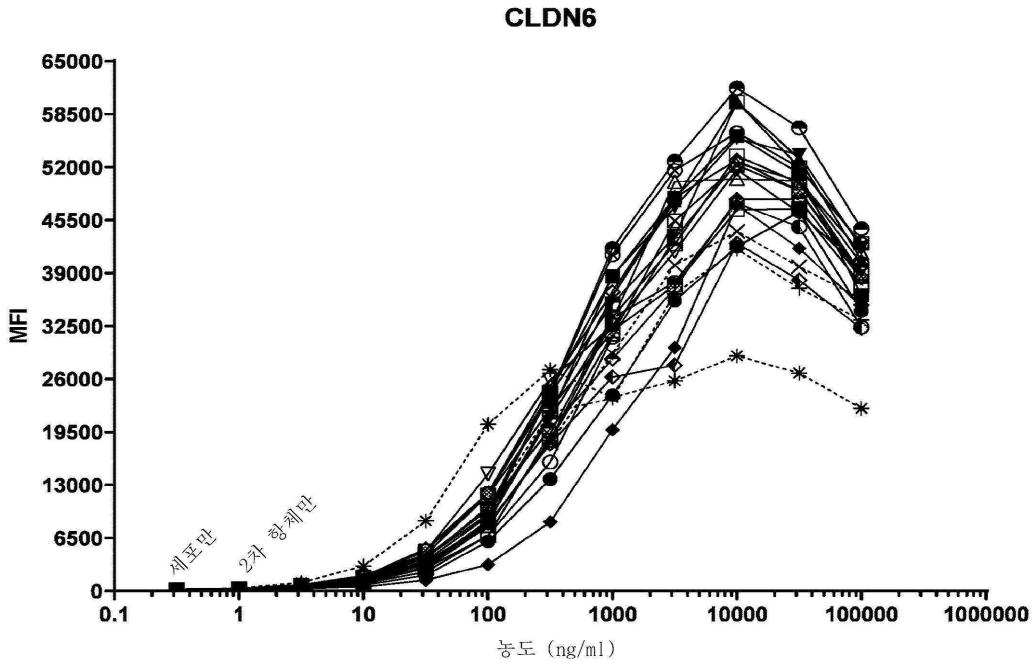
도면31a

		EC50 (ng/ml)		
A)	C6-30 변이체	CLDN6 에서	CLDN9 에서	CLDN9/6 비
XENP26863	비교 기준	273.8	7374	26.93
XENP34218	H1_L1	1241	54237	43.70
XENP34220	H2_L1	1632	43826	26.85
XENP35044	H2_L1.1	4338	NA	NA
XENP35047	H2_L1.4	795.2	17550	22.07
XENP35050	H2_L1.7	2218	99339	44.79
XENP35059	H2_L1.16	1276	32669	25.60
XENP35061	H2_L1.18	1248	56295	45.11
XENP35062	H2_L1.19	1225	86760	70.82
XENP35064	H2_L1.21	979.2	14147	14.45
XENP35065	H2_L1.22	1478	69069	46.73
XENP35066	H2_L1.23	1590	31803	20.00
XENP35070	H2_L1.27	1183	29684	25.09
XENP35087	*H1.3_L1*	1198	31760	26.51
XENP35088	H1.4_L1	1286	29242	22.74
XENP35090	H1.6_L1	1556	44628	28.68
XENP35091	H1.7_L1	1433	31427	21.93
XENP35092	H1.8_L1	1160	24998	21.55
XENP35093	H1.9_L1	978	53115	54.31
XENP35096	H2.3_L1	1241	110298	88.88
XENP35097	H2.4_L1	1103	72866	66.06
XENP35100	H2.7_L1	1139	63509	55.76
XENP35101	H2.8_L1	24783	1061	0.04
XENP35102	H2.9_L1	3526	1432	0.41

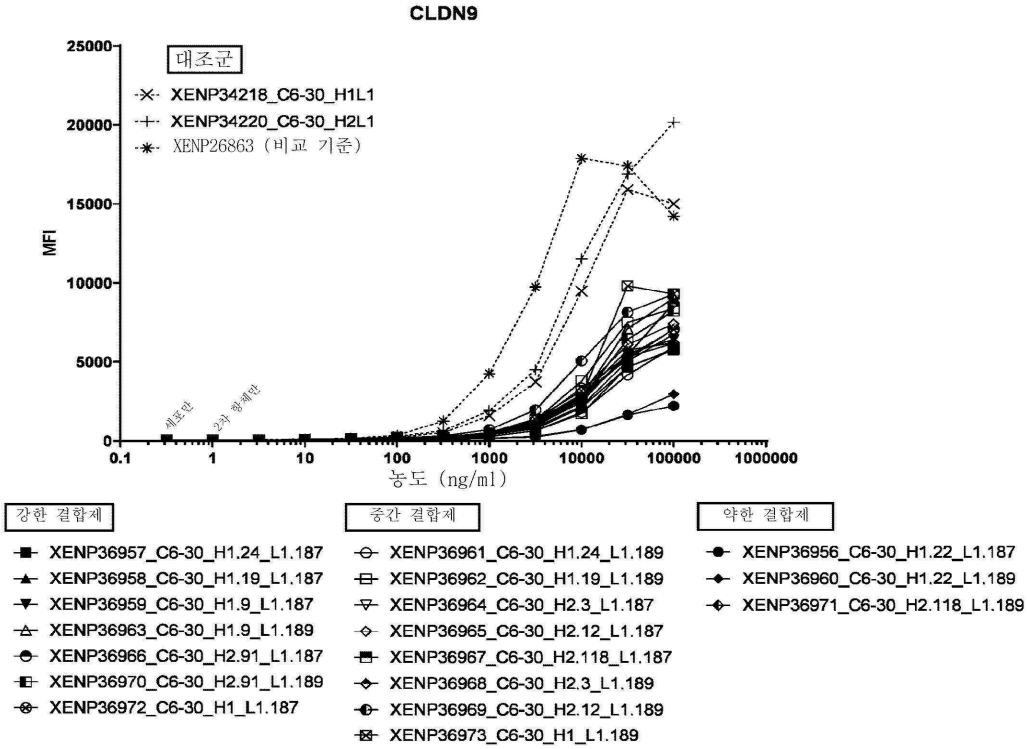
도면31b

		EC50 (ng/ml)		
B)	C6-30 변이체	CLDN6 에서	CLDN9 에서	CLDN9/6 비
XENP26863	비교 기준	73.97	1874	25.33
XENP34218	H1_L1	344.3	11556	33.56
XENP34220	H2_L1	390.8	11056	28.29
XENP35090	H1.6_L1	902.7	7062	7.82
XENP35865	H2_L1.60	685.7	123972	180.80
XENP35883	H1.19_L1	617.2	16767	27.17
XENP35886	H1.22_L1	941.1	24483	26.02
XENP35888	H1.24_L1	657.4	43820	66.66
XENP35890	H2.11_L1	408.1	34071	83.49
XENP35891	H2.12_L1	473.6	44135	93.19
XENP35929	H2_L1.107	791.8	99068	125.12
XENP35936	H2_L1.114	828.6	57436	69.32
XENP35979	H2_L1.187	323	29169	90.31
XENP35981	H2_L1.189	403.5	31700	78.56
XENP36021	H2.71_L1	902.4	49328	54.66
XENP36022	H2.72_L1	513.9	47177	91.80
XENP36025	H2.75_L1	1343	61089	45.49
XENP36040	H2.90_L1	705.5	66108	93.70
XENP36041	H2.91_L1	449.4	32521	72.37
XENP36065	H2.118_L1	783	491857	628.17
XENP36066	H2.119_L1	567	18031	31.80

도면32a



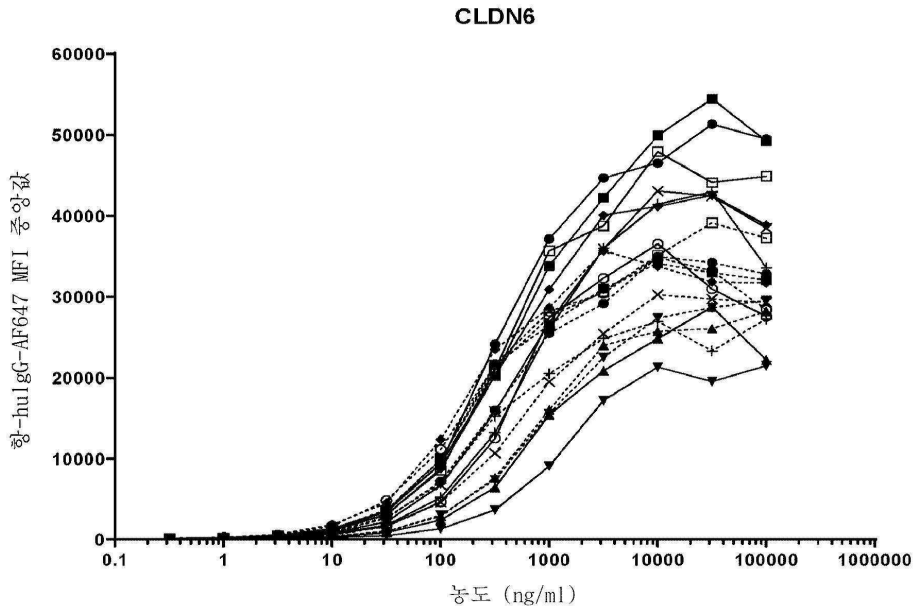
도면32b



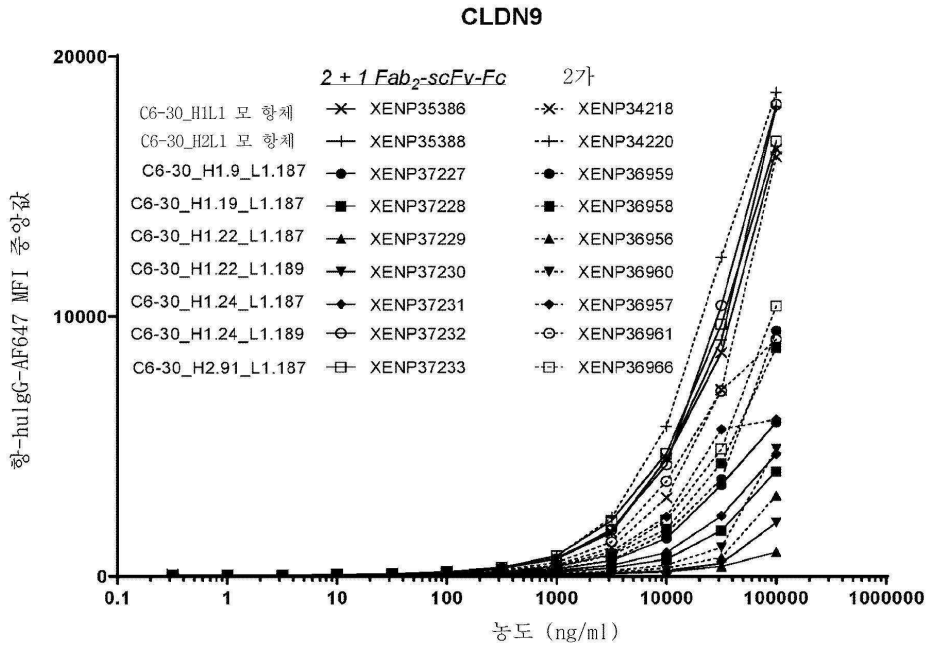
도면33

C6-30 변이체	CLDN6 EC50	CLDN9 EC50	CLDN9/CLDN6 EC50 비	CLDN6 AUC	CLDN9 AUC	CLDN6/CLDN9 AUC 비
XENP34218_H1L1	373.2	8594	23.02787	3.88E+09	1.38E+09	2.802246
XENP34220_H2L1	294.7	10485	35.57855	3.62E+09	1.64E+09	2.20981
XENP26863 (비교 기준)	42.24	2146	50.80492	2.55E+09	1.58E+09	1.616028
XENP36956_H1.22_L1.187	658.3	29584	44.94	4.07E+09	1.61E+08	25.34196
XENP36957_H1.24_L1.187	305.3	21240	69.57091	4.63E+09	4.41E+08	10.49091
XENP36958_H1.19_L1.187	414.6	17235	41.57019	4.91E+09	4.92E+08	9.969486
XENP36959_H1.9_L1.187	392.2	18873	48.12086	4.92E+09	5.09E+08	9.67232
XENP36960_H1.22_L1.189	1072	60046	56.01306	3.93E+09	1.88E+08	20.88547
XENP36961_H1.24_L1.189	562.1	31368	55.80502	4.63E+09	4.2E+08	11.03723
XENP36962_H1.19_L1.189	450.1	15252	33.8858	4.6E+09	6.85E+08	6.710047
XENP36963_H1.9_L1.189	451.6	25916	57.38707	4.69E+09	6.73E+08	6.95726
XENP36964_H2.3_L1.187	259.5	26066	100.447	4.42E+09	4.94E+08	8.951393
XENP36965_H2.12_L1.187	279.1	16705	59.8531	4.57E+09	5.79E+08	7.881124
XENP36966_H2.91_L1.187	349.9	19604	56.02744	5.27E+09	5.24E+08	10.05439
XENP36967_H2.118_L1.187	313.6	26403	84.19324	4.29E+09	4.38E+08	9.796817
XENP36968_H2.3_L1.189	452	36292	80.29204	4.37E+09	5.86E+08	7.458967
XENP36969_H2.12_L1.189	295.1	11508	38.99695	4.02E+09	7.66E+08	5.251557
XENP36970_H2.91_L1.189	394.6	24490	62.06285	4.91E+09	6.15E+08	7.988906
XENP36971_H2.118_L1.189	378.8	14082	37.17529	3.6E+09	5.18E+08	6.948966
XENP36972_H1_L1.187	307.6	16192	52.63979	4.9E+09	5.34E+08	9.166706
XENP36973_H1_L1.189	466.5	18579	39.82637	4.55E+09	8.06E+08	5.640381

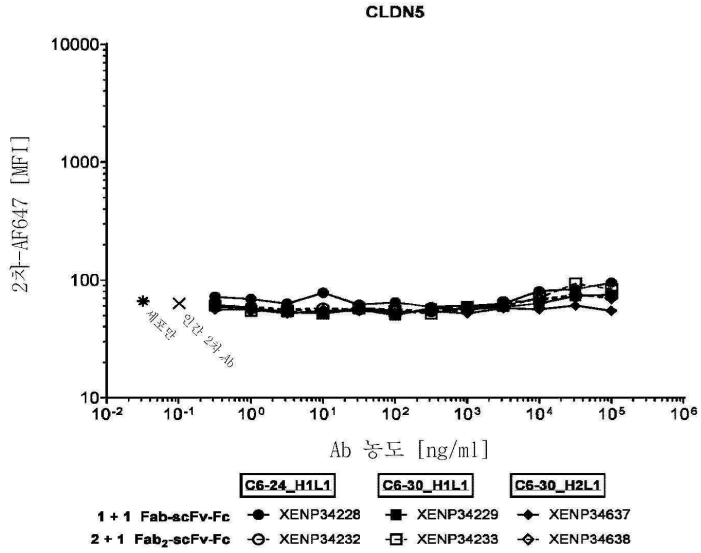
도면34a


CLDN6
60000
50000
40000
30000
20000
10000
0
항-hulgG-AF647 MFI 중앙값
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
1000000
농도 (ng/ml)

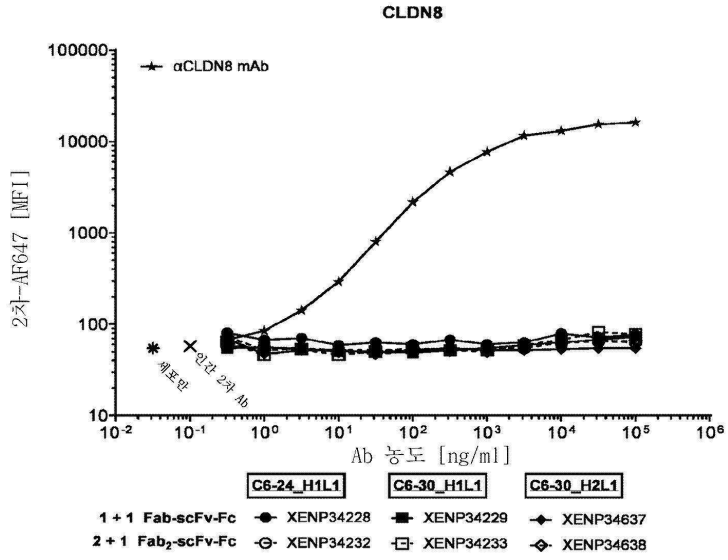
도면34b


CLDN9
20000
10000
0
항-hulgG-AF647 MFI 중앙값
2 + 1 Fab2-scFv-Fc
2가
C6-30_H1L1 모 항체
C6-30_H2L1 모 항체
C6-30_H1.9_L1.187
C6-30_H1.19_L1.187
C6-30_H1.22_L1.187
C6-30_H1.22_L1.189
C6-30_H1.24_L1.187
C6-30_H1.24_L1.189
C6-30_H2.91_L1.187
XENP35386
XENP35388
XENP37227
XENP37228
XENP37229
XENP37230
XENP37231
XENP37232
XENP37233
XENP34218
XENP34220
XENP36959
XENP36958
XENP36956
XENP36960
XENP36957
XENP36961
XENP36966
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
1000000
농도 (ng/ml)

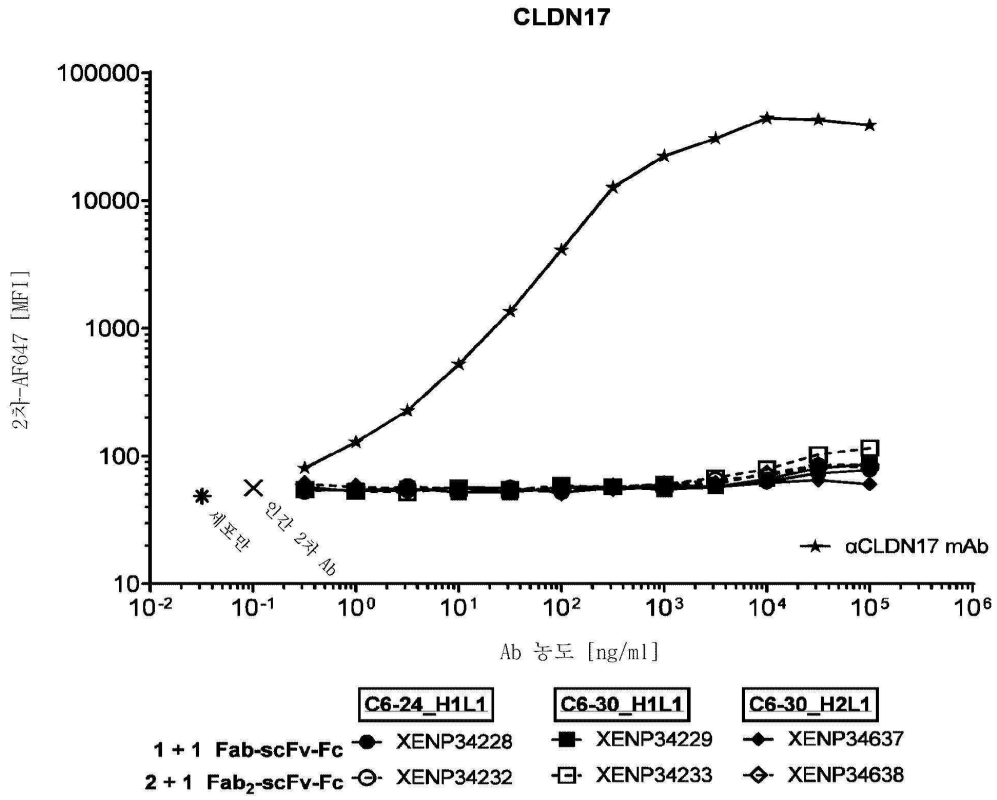
도면35a


CLDN5
2차-AF647 [MFI]
Ab 농도 [ng/ml]
세포만
인간 2차 Ab
C6-24_H1L1
C6-30_H1L1
C6-30_H2L1
1 + 1 Fab-scFv-Fc
XENP34228
XENP34229
XENP34637
2 + 1 Fab2-scFv-Fc
XENP34232
XENP34233
XENP34638

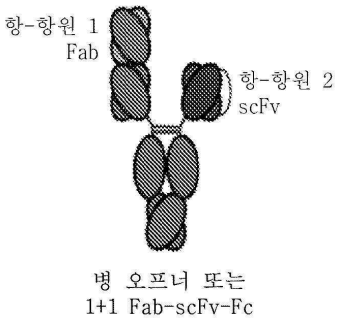
도면35b


CLDN8
αCLDN8 mAb
2차-AF647 [MFI]
Ab 농도 [ng/ml]
세포만
인간 2차 Ab
C6-24_H1L1
C6-30_H1L1
C6-30_H2L1
1 + 1 Fab-scFv-Fc
XENP34228
XENP34229
XENP34637
2 + 1 Fab2-scFv-Fc
XENP34232
XENP34233
XENP34638

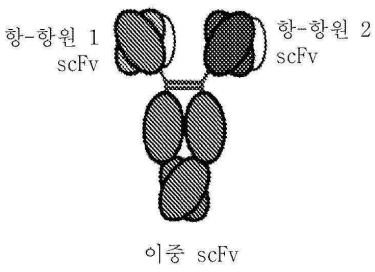
도면35c



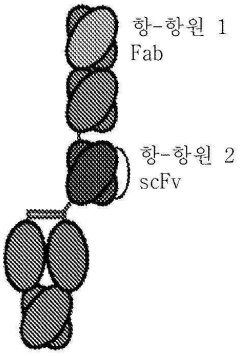
도면36a



도면36b

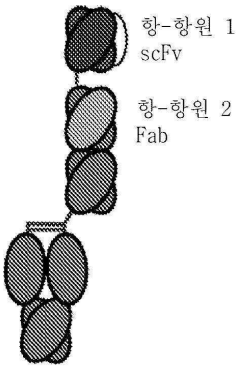


도면36c



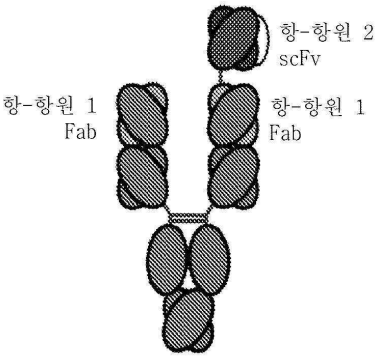
1-아암 중앙-scFv

도면36d



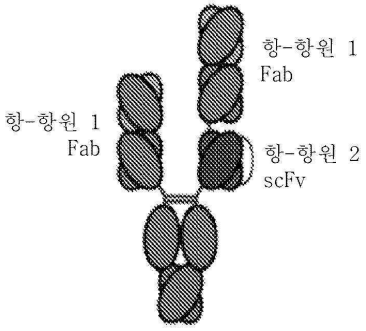
1-아암 scFv-mAb

도면36e



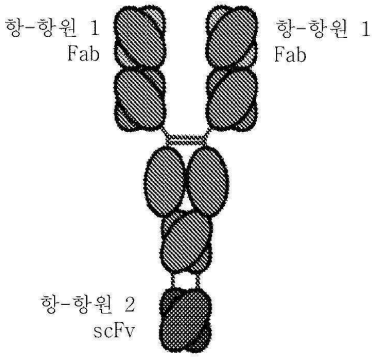
scFv-mAb

도면36f



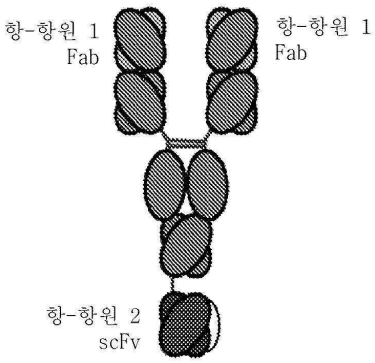
중앙 scFv 또는 2+1
Fab2-scFv-Fc

도면36g



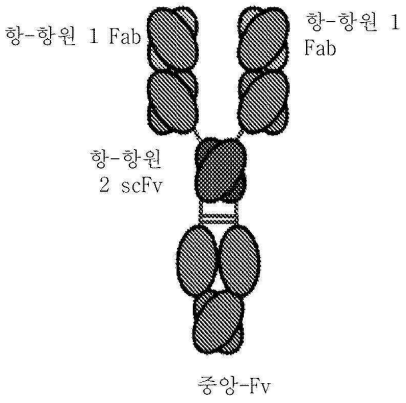
mAb-Fv

도면36h

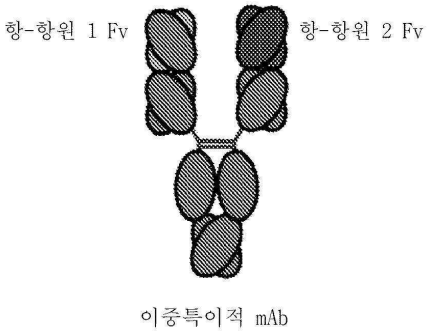


mAb-scFv

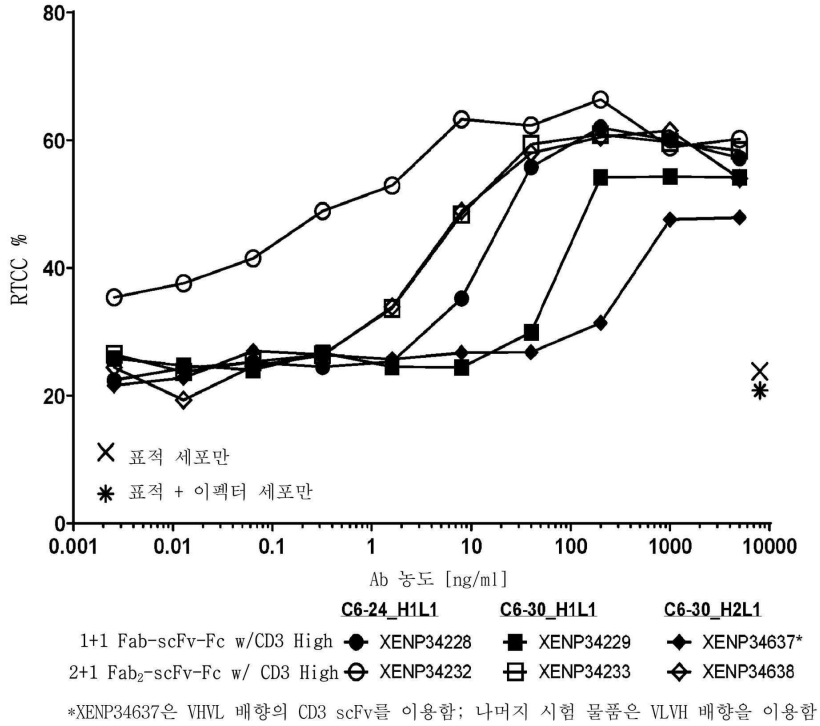
도면36i



도면36j



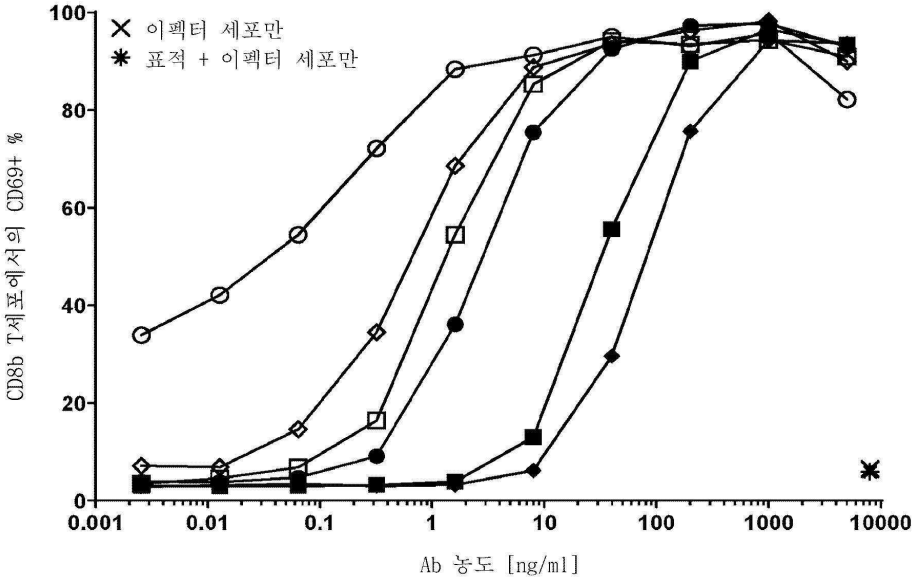
도면37



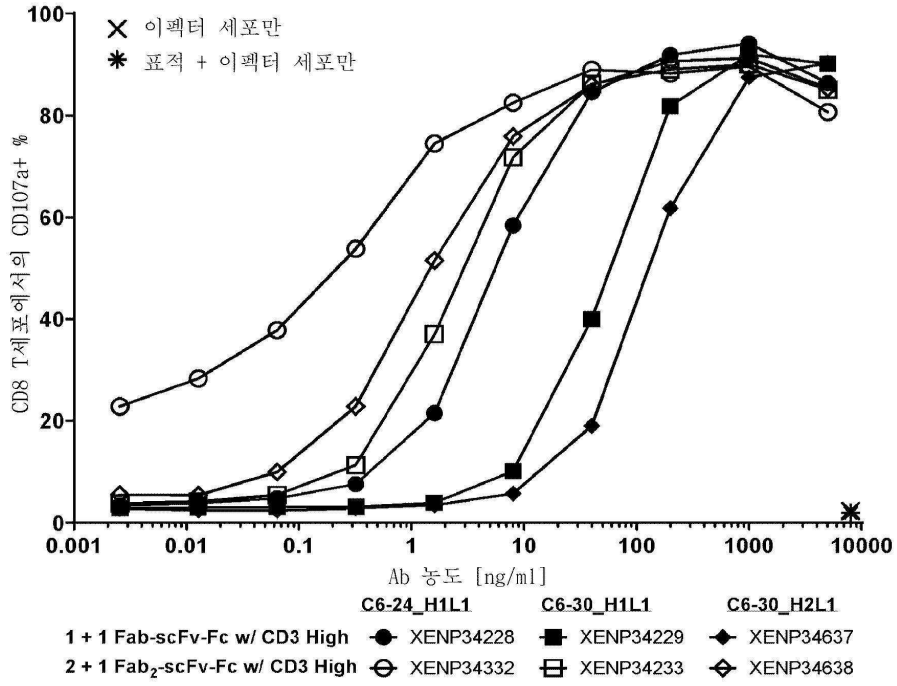
*XENP34637은 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

샘플 ID	형식	FV	인간화	PA-1 RTCC 평균 EC50 (ng/mL)
XENP34229	1+1	C6-30	H1L1	75.6 ± 32.3
XENP34233	2+1	C6-30	H1L1	5.3 ± 1.5
XENP34637	1+1	C6-30	H2L1	205.5 ± 115.4
XENP34638	2+1	C6-30	H2L1	2.4 ± 1.2
XENP34228	1+1	C6-24	H1L1	11.4 ± 1.3
XENP34232	2+1	C6-24	H1L1	1.0 ± 0.9

도면38a

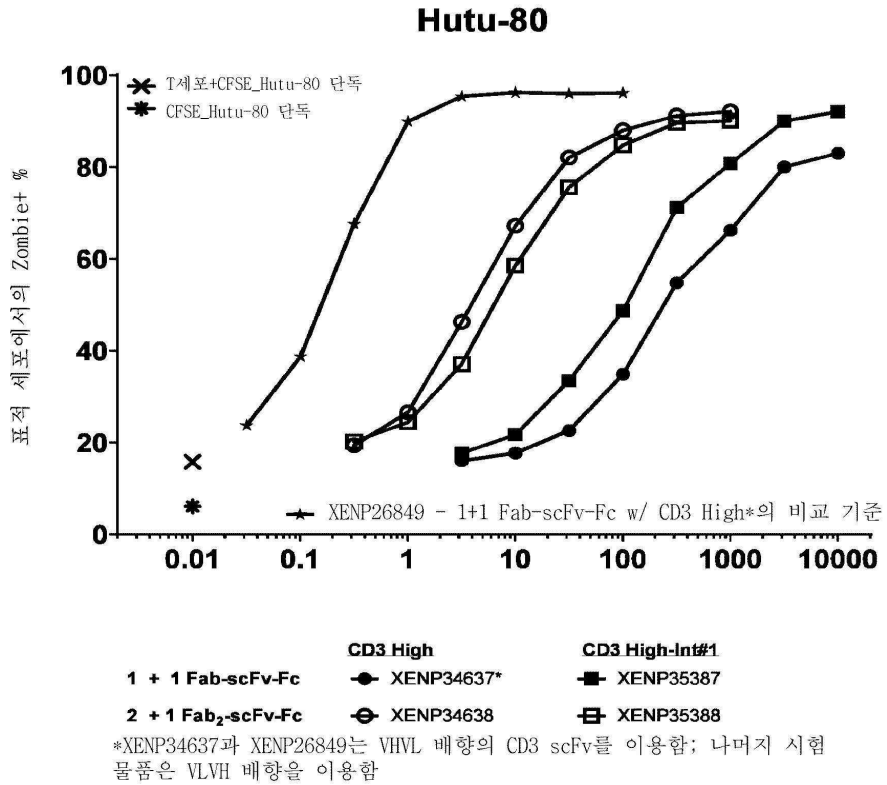


도면38b



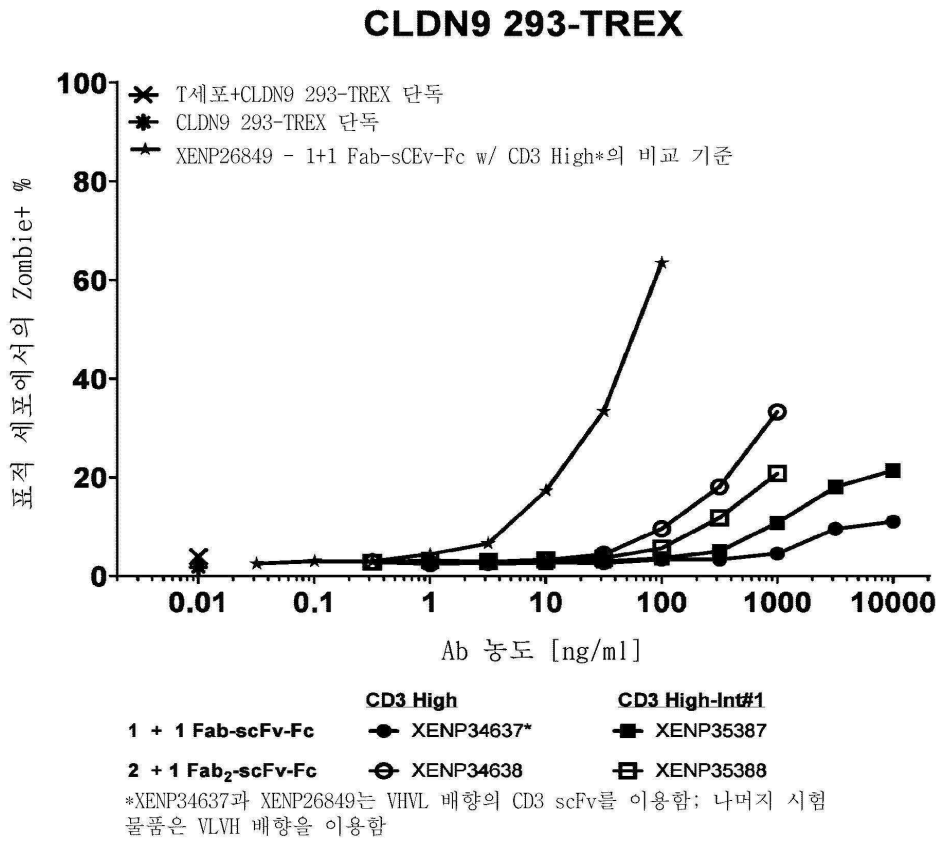
*XENP34637은 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

도면39a



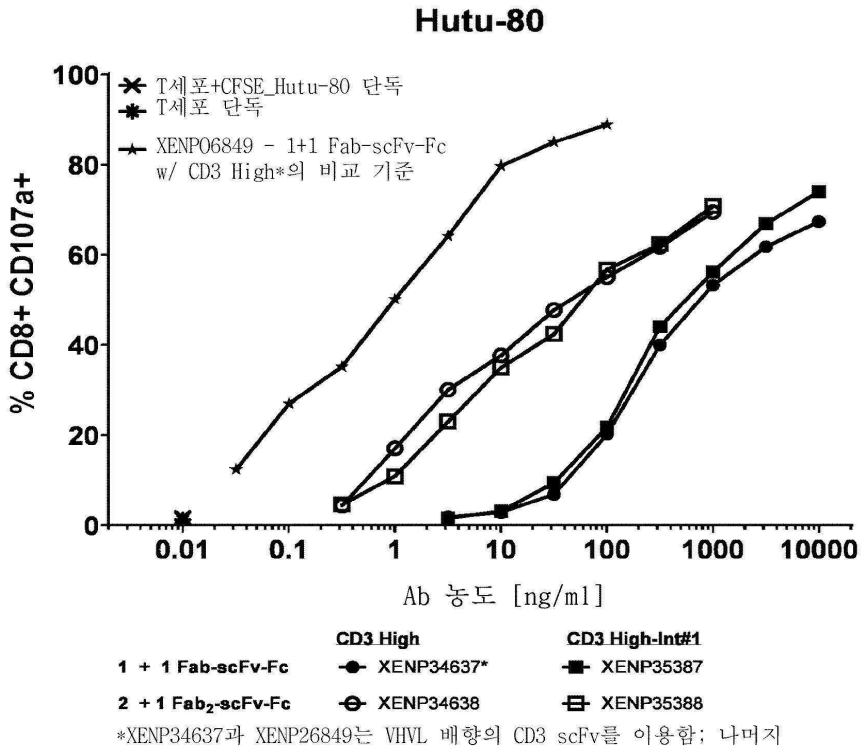
*XENP34637과 XENP26849는 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

도면39b



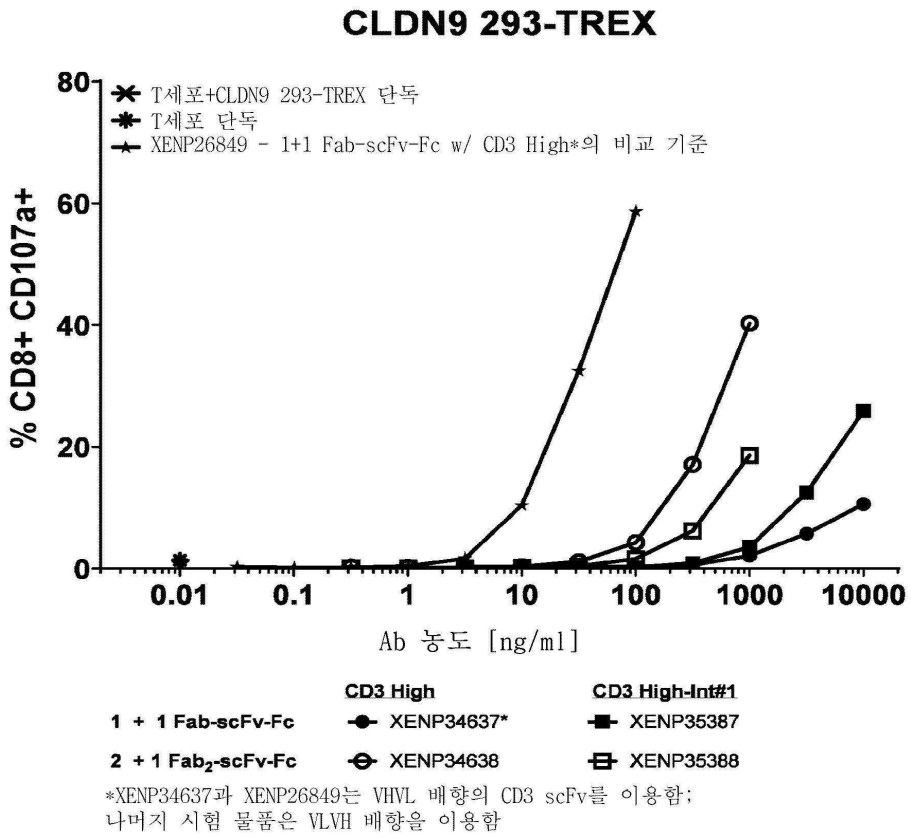
*XENP34637과 XENP26849는 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

도면40a

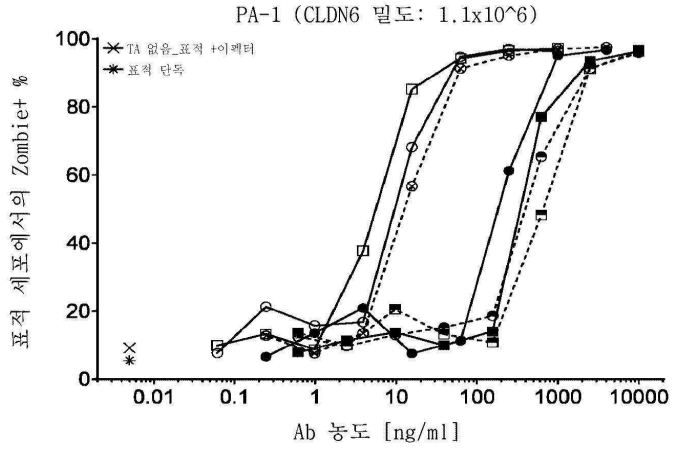


*XENP34637과 XENP26849는 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

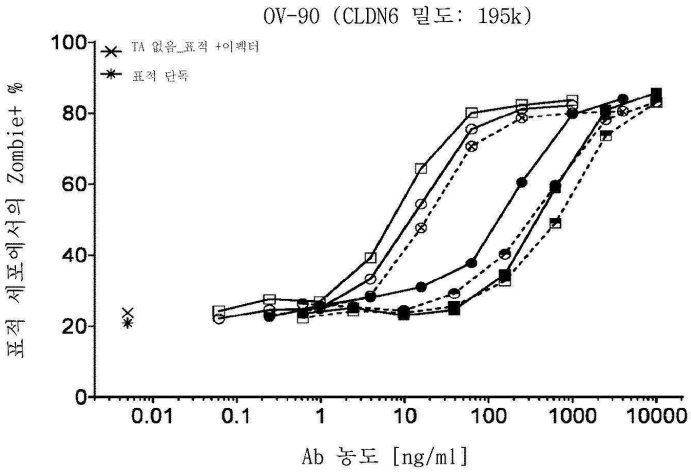
도면40b


CLDN9 293-TREX
T세포+CLDN9 293-TREX 단독
T세포 단독
XENP26849 - 1+1 Fab-scFv-Fc w/ CD3 High*의 비교 기준
% CD8+ CD107a+
80
60
40
20
0
0.01
0.1
1
10
100
1000
10000
Ab 농도 [ng/ml]
CD3 High
CD3 High-Int#1
1 + 1 Fab-scFv-Fc
XENP34637*
XENP35387
2 + 1 Fab2-scFv-Fc
XENP34638
XENP35388
*XENP34637과 XENP26849는 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함;
나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

도면41a

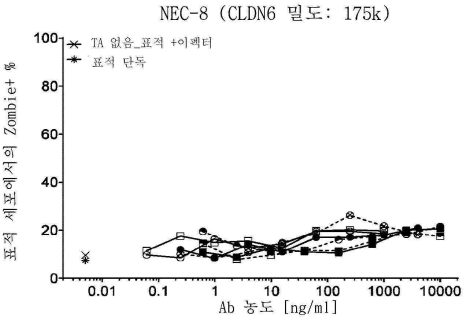

PA-1 (CLDN6 밀도: 1.1x10^6)
TA 없음_표적 +이펙터
표적 단독
표적 세포에서의 Zombie+ %
100
80
60
40
20
0
0.01
0.1
1
10
100
1000
10000
Ab 농도 [ng/ml]

도면41b

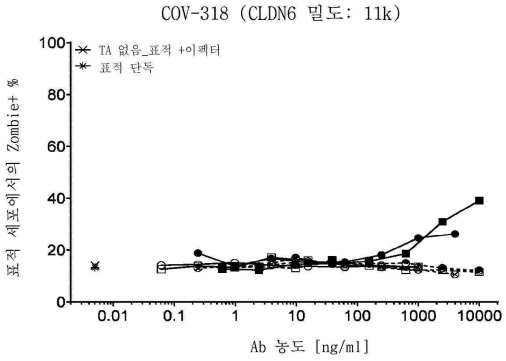


도면41c

도 41c



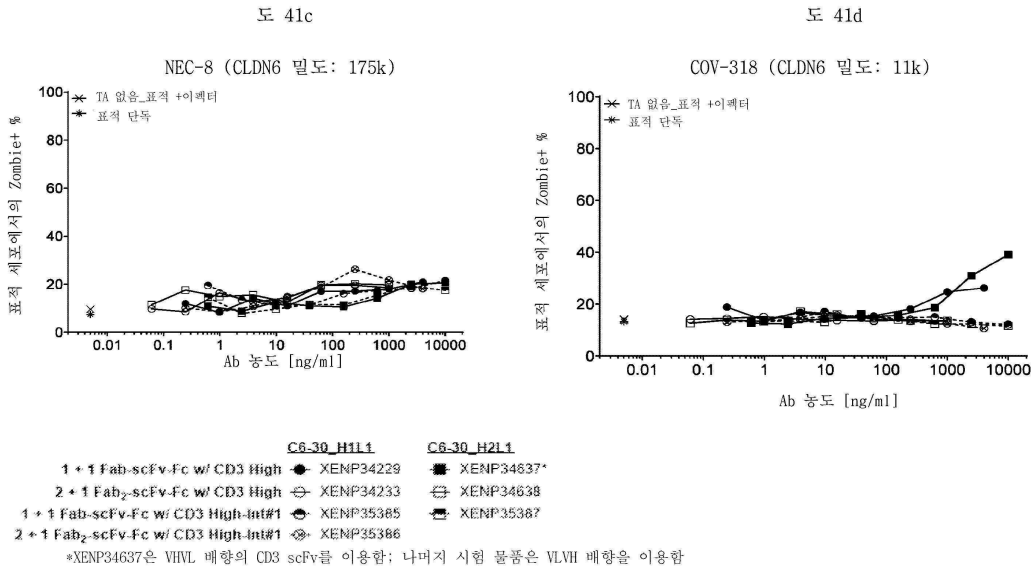
도 41d



	C6-30_H1L1	C6-30_H2L1
1 + 1 Fab-scFv-Fc w/ CD3 High	XENP34229	XENP34637*
2 + 1 Fab_2-scFv-Fc w/ CD3 High	XENP34233	XENP34638
1 + 1 Fab-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1	XENP35385	XENP35387
2 + 1 Fab_2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1	XENP35386	

*XENP34637은 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

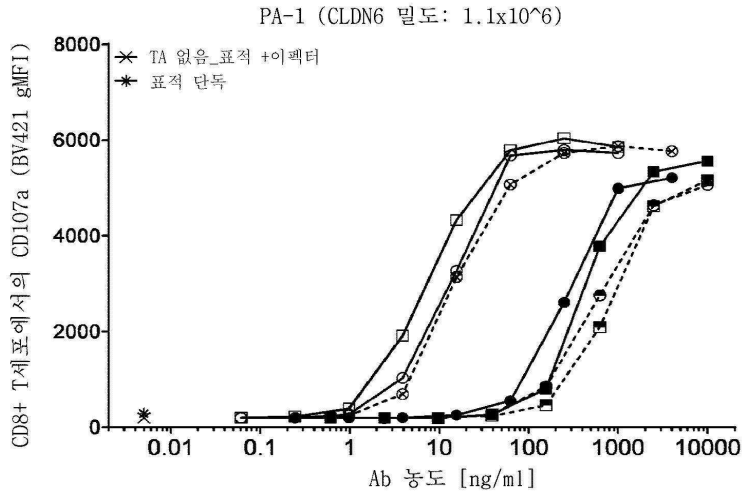
도면41d



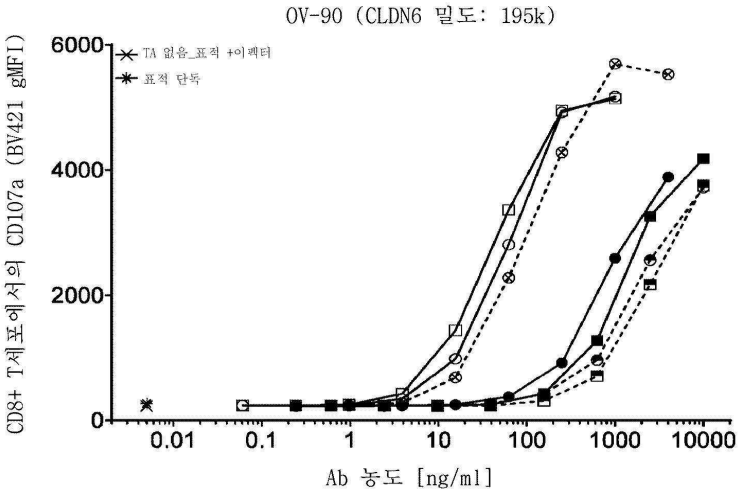
도면42

EC50_표적에서의 Zombie+ % (ng/mL)		
	PA-1	OV-90
XENP34229	287	200.3
XENP34233	12.44	14.38
XENP34637	469.7	590.5
XENP34638	5.989	9.29
XENP26849	0.1084	0.299
XENP28817	1.352	5.173
XENP35385	570.1	472
XENP35386	14.26	19.19
XENP35387	1045	908.3

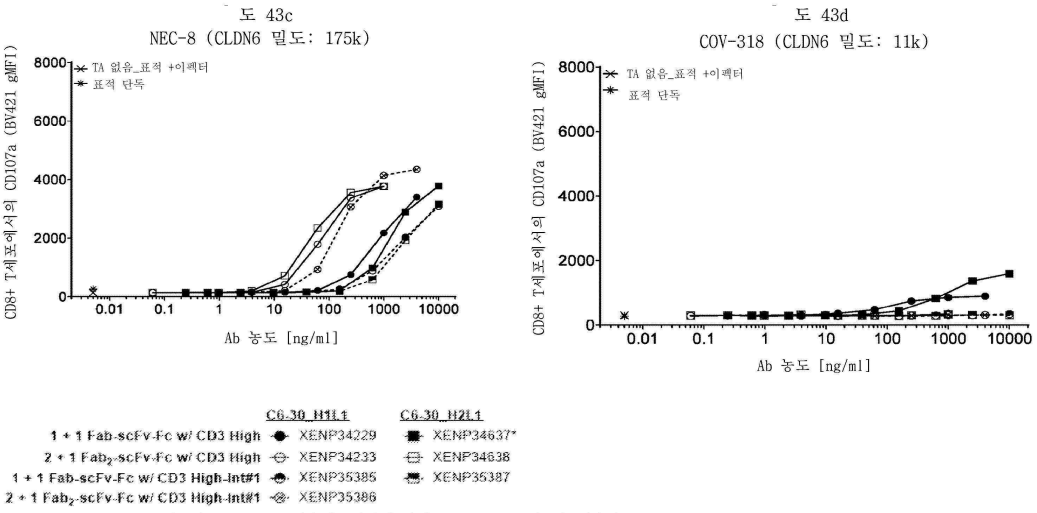
도면43a



도면43b

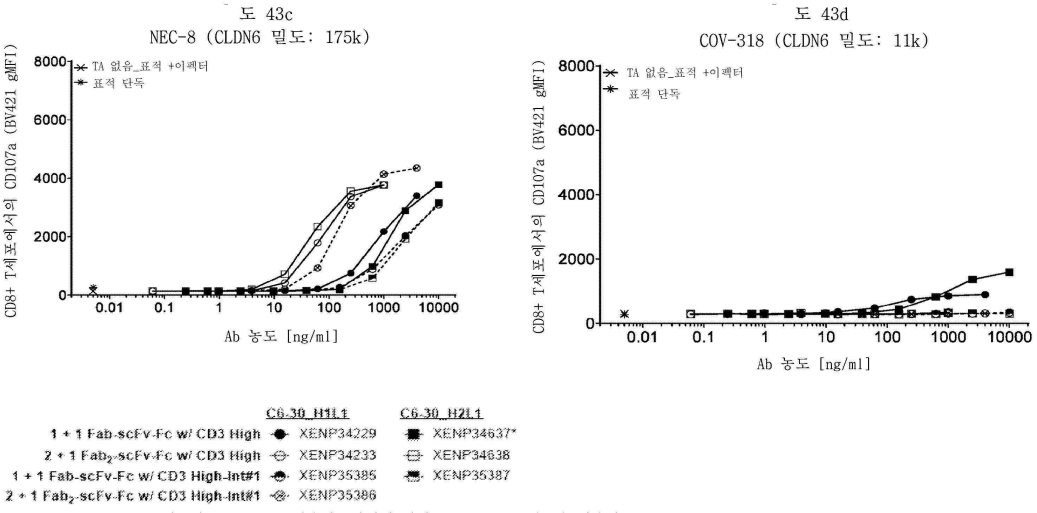


도면43c



*XENP34637은 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

도면43d

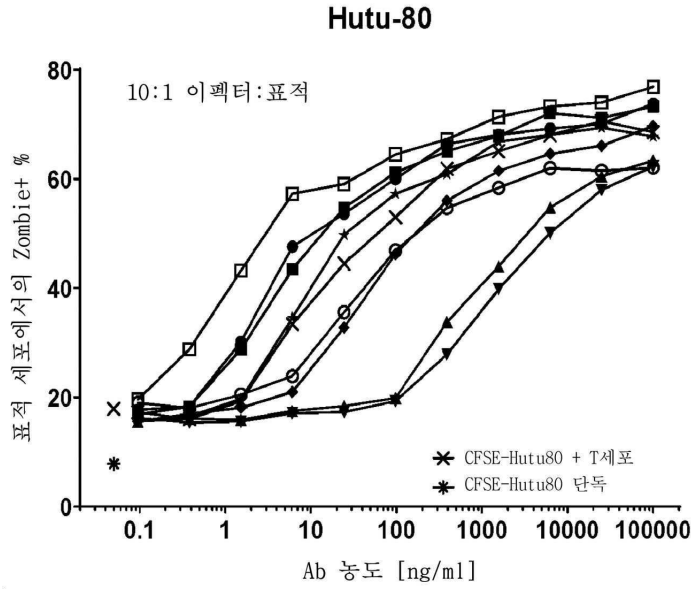


*XENP34637은 VHVL 배향의 CD3 scFv를 이용함; 나머지 시험 물품은 VLVH 배향을 이용함

도면44

EC50_CD8+에서의 CD107a				
	PA-1	OV-90	NEC-8	COV-318
XENP34229	322.6	1097	1178	118
XENP34233	13.18	67.02	88.68	
XENP34637	512.9	1714	1909	1012
XENP34638	7.561	44.08	54.54	
XENP26849	0.2754	2.396	2.285	22.29
XENP28817	2.064	23.56	20.21	38.66
XENP35385	686.7	2444	2383	
XENP35386	14.72	103.9	173.2	
XENP35387	1079	4280	3613	

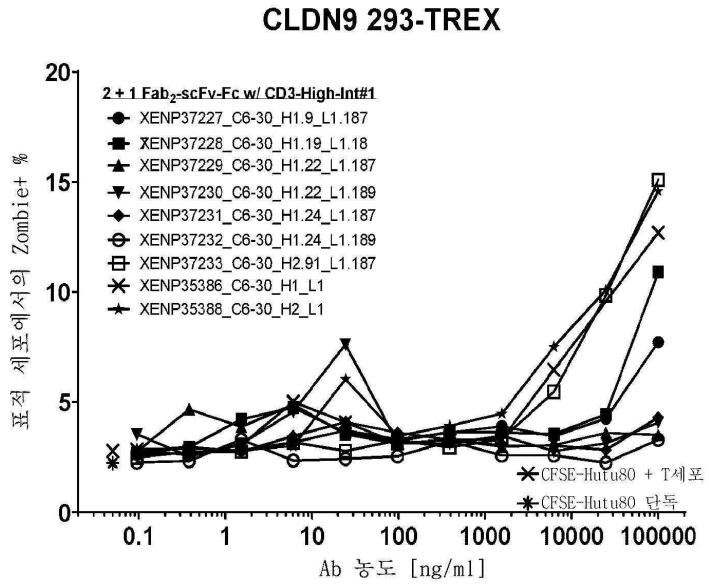
도면45a



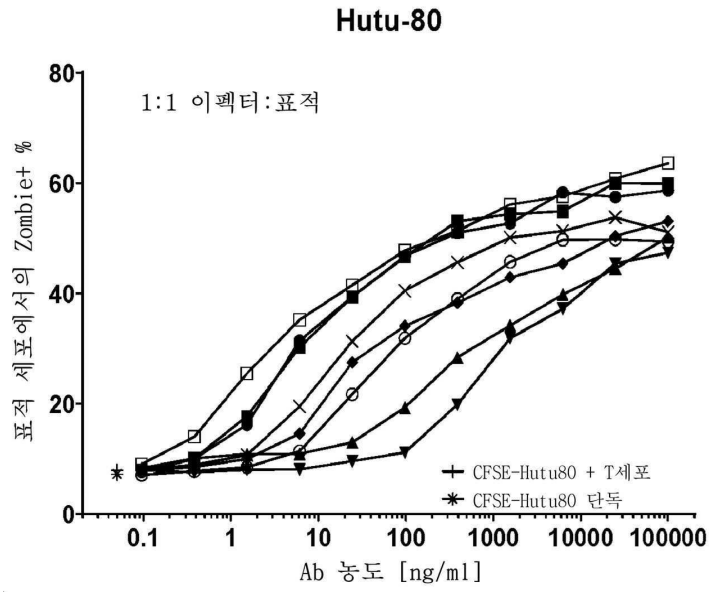
Hutu-80 에서의 Zombie+ %

XENP	EC50 (ng/ml)
37227	5.4
37228	7
37229	857
37230	1426
37231	63
37232	44
37233	2.1
35386	21
35388	12

도면45b



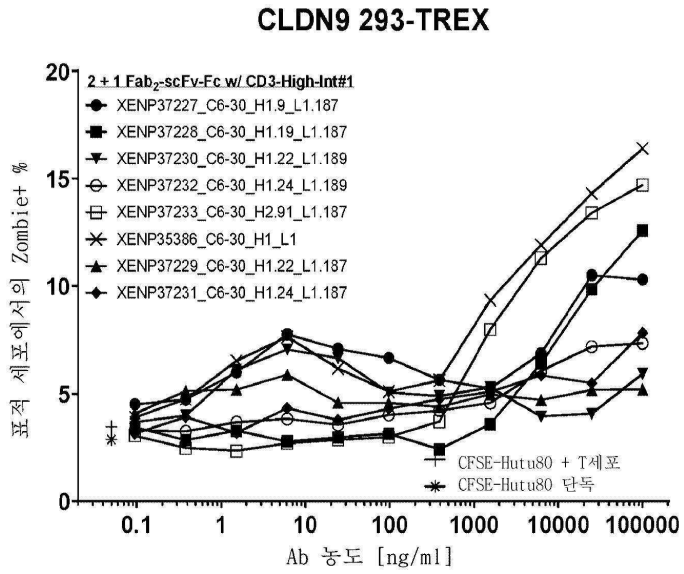
도면46a



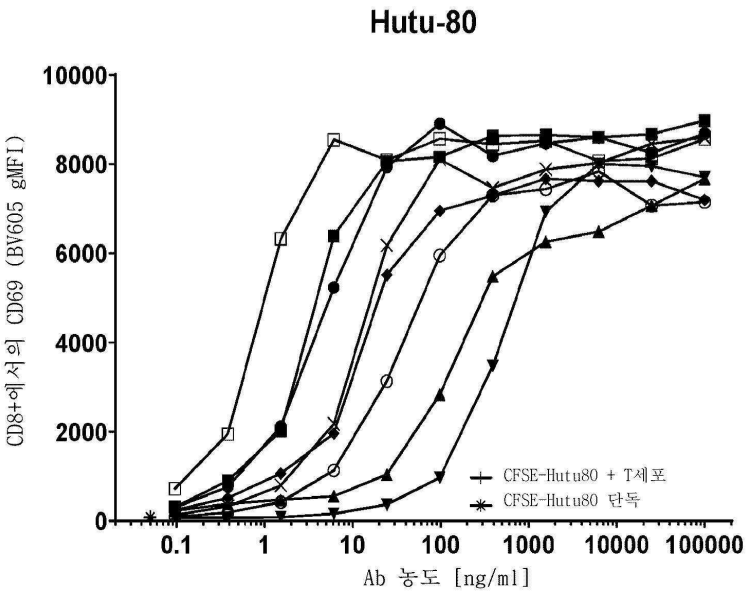
Hutu-80 에서의 Zombie+ %

XENP	EC50 (ng/ml)
37227	8.9
37228	10
37229	447
37230	1004
37231	38
37232	66
37233	7.2
35386	23

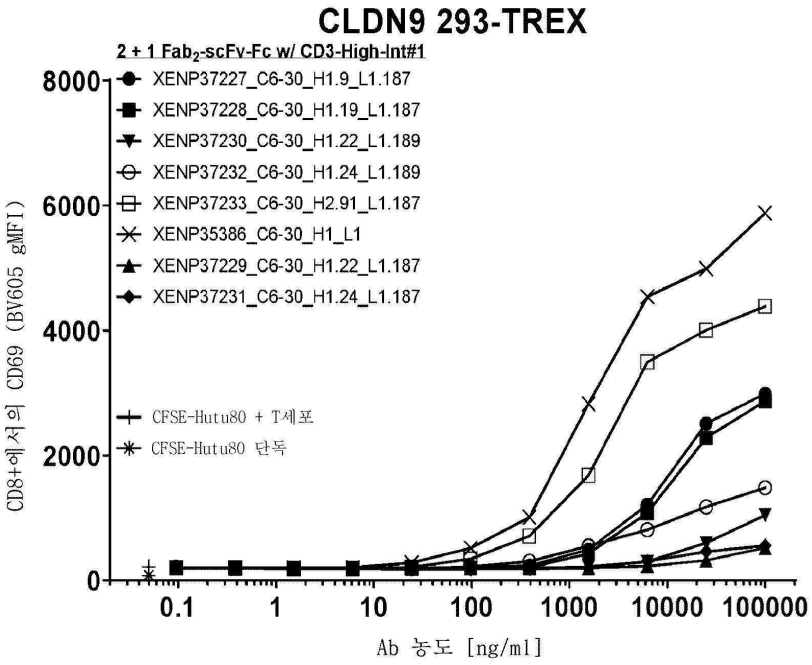
도면46b



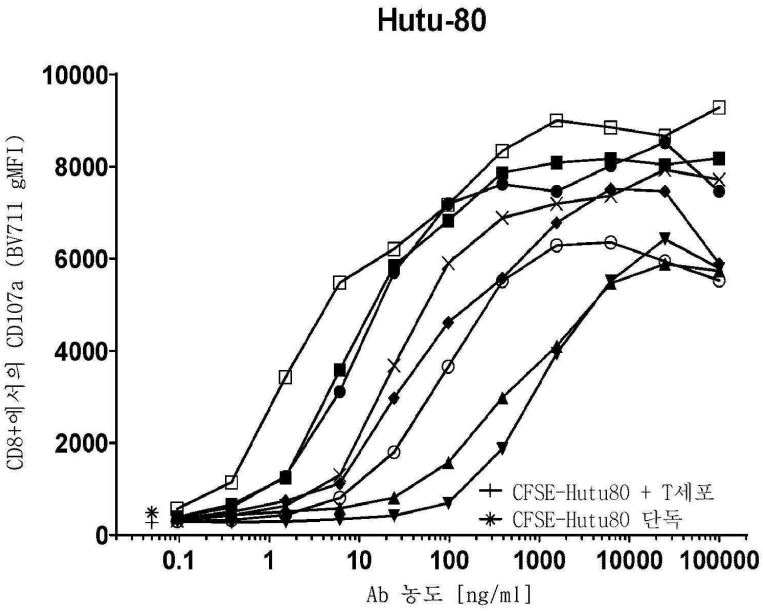
도면47a


Hutu-80
CD8+에서의 CD69 (BV605 gMFI)
10000
8000
6000
4000
2000
0
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
CFSE-Hutu80 + T세포
CFSE-Hutu80 단독

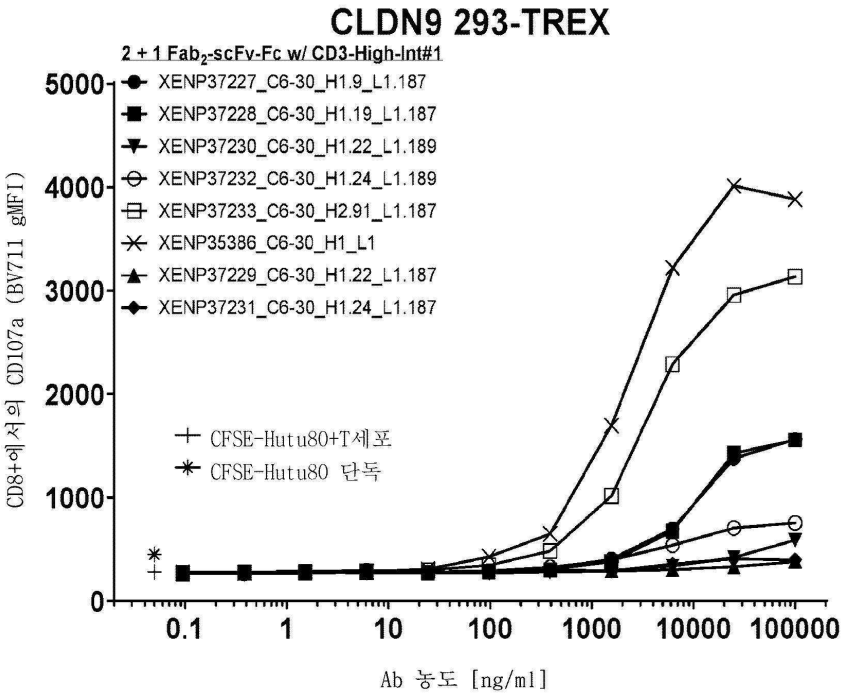
도면47b


CLDN9 293-TREX
2 + 1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3-High-Int#1
XENP37227_C6-30_H1.9_L1.187
XENP37228_C6-30_H1.19_L1.187
XENP37230_C6-30_H1.22_L1.189
XENP37232_C6-30_H1.24_L1.189
XENP37233_C6-30_H2.91_L1.187
XENP35386_C6-30_H1_L1
XENP37229_C6-30_H1.22_L1.187
XENP37231_C6-30_H1.24_L1.187
CFSE-Hutu80 + T세포
CFSE-Hutu80 단독
CD8+에서의 CD69 (BV605 gMFI)
8000
6000
4000
2000
0
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]

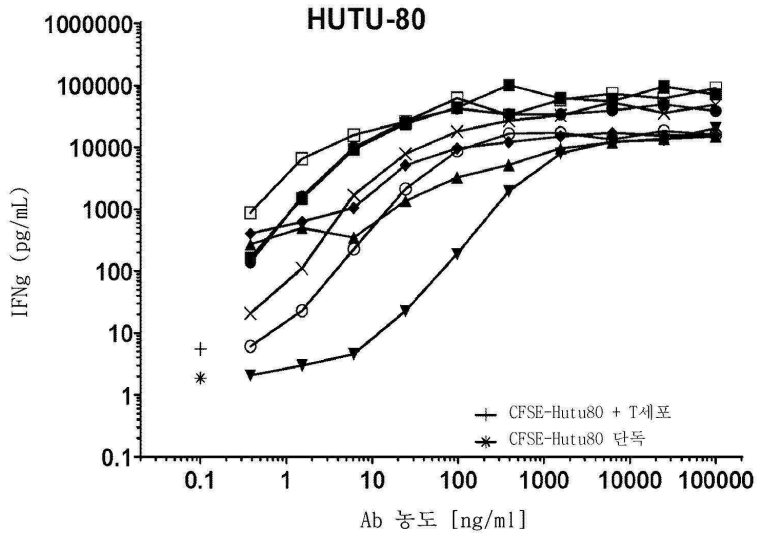
도면48a


Hutu-80
CD8+에서의 CD107a (BV711 gMFI)
10000
8000
6000
4000
2000
0
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
CFSE-Hutu80 + T세포
CFSE-Hutu80 단독

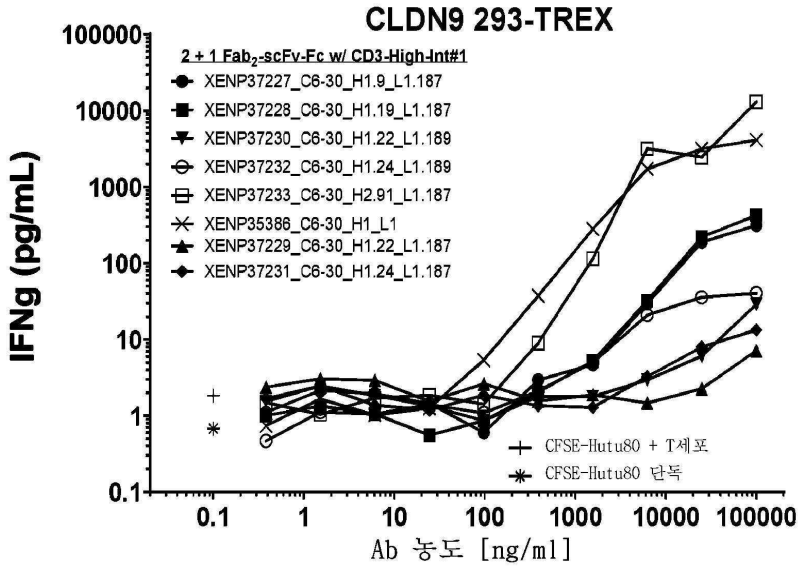
도면48b


CLDN9 293-TREX
2 + 1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3-High-Int#1
XENP37227_C6-30_H1.9_L1.187
XENP37228_C6-30_H1.19_L1.187
XENP37230_C6-30_H1.22_L1.189
XENP37232_C6-30_H1.24_L1.189
XENP37233_C6-30_H2.91_L1.187
XENP35386_C6-30_H1_L1
XENP37229_C6-30_H1.22_L1.187
XENP37231_C6-30_H1.24_L1.187
CD8+에서의 CD107a (BV711 gMFI)
5000
4000
3000
2000
1000
0
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
CFSE-Hutu80+T세포
CFSE-Hutu80 단독

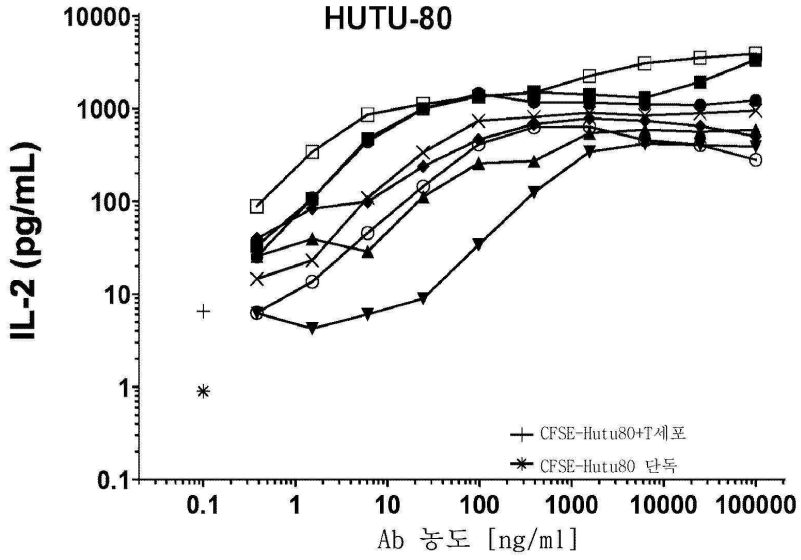
도면49a


HUTU-80
IFNg (pg/mL)
1000000
100000
10000
1000
100
10
1
0.1
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
CFSE-Hutu80 + T세포
CFSE-Hutu80 단독

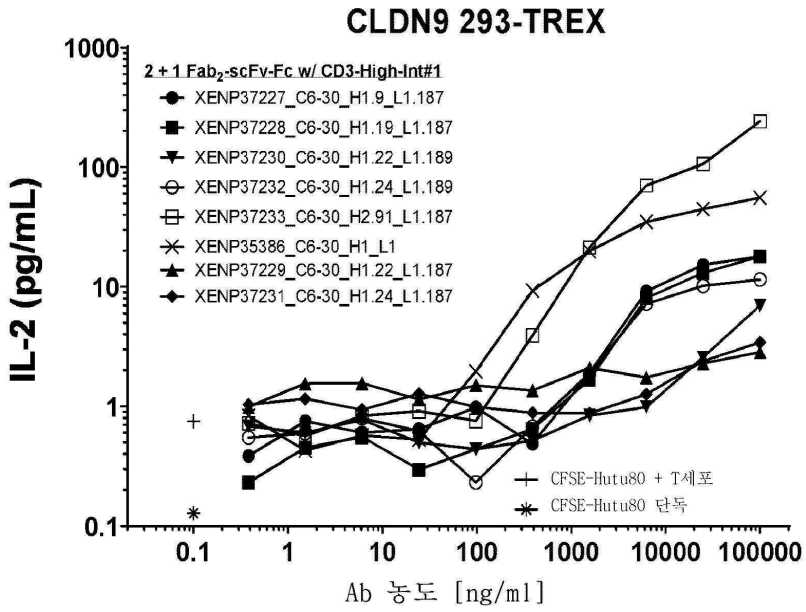
도면49b


CLDN9 293-TREX
2 + 1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3-High-Int#1
XENP37227_C6-30_H1.9_L1.187
XENP37228_C6-30_H1.19_L1.187
XENP37230_C6-30_H1.22_L1.189
XENP37232_C6-30_H1.24_L1.189
XENP37233_C6-30_H2.91_L1.187
XENP35386_C6-30_H1_L1
XENP37229_C6-30_H1.22_L1.187
XENP37231_C6-30_H1.24_L1.187
IFNg (pg/mL)
100000
10000
1000
100
10
1
0.1
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
CFSE-Hutu80 + T세포
CFSE-Hutu80 단독

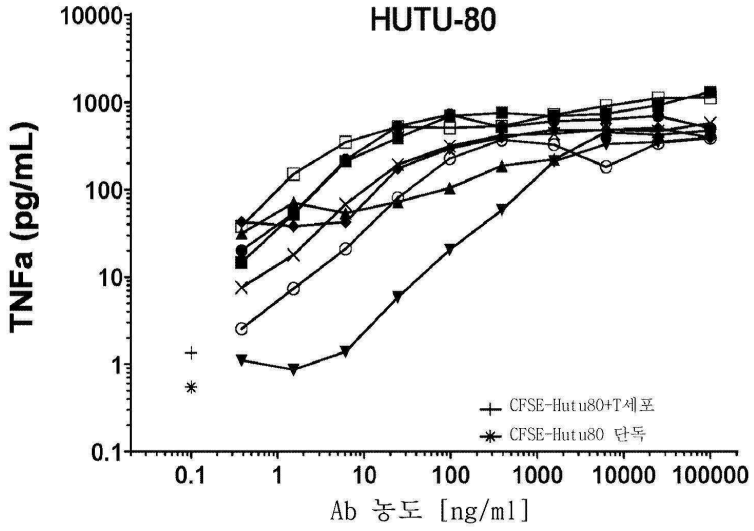
도면50a


HUTU-80
IL-2 (pg/mL)
10000
1000
100
10
1
0.1
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
CFSE-Hutu80+T세포
CFSE-Hutu80 단독

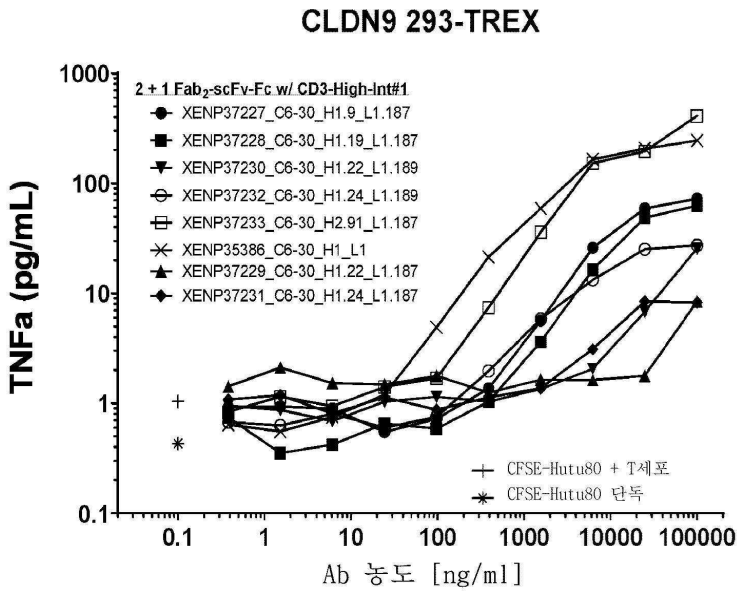
도면50b


CLDN9 293-TREX
2 + 1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3-High-Int#1
XENP37227_C6-30_H1.9_L1.187
XENP37228_C6-30_H1.19_L1.187
XENP37230_C6-30_H1.22_L1.189
XENP37232_C6-30_H1.24_L1.189
XENP37233_C6-30_H2.91_L1.187
XENP35386_C6-30_H1_L1
XENP37229_C6-30_H1.22_L1.187
XENP37231_C6-30_H1.24_L1.187
IL-2 (pg/mL)
1000
100
10
1
0.1
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
CFSE-Hutu80 + T세포
CFSE-Hutu80 단독

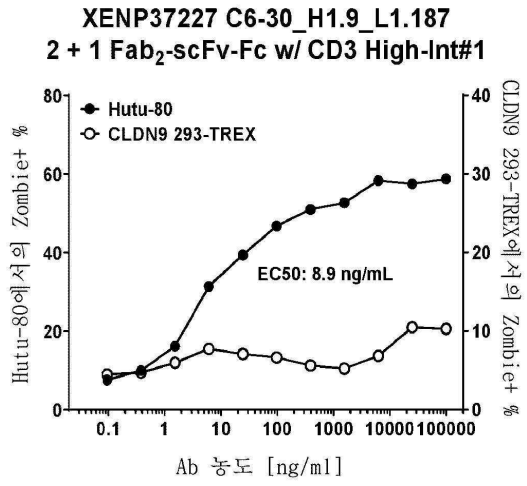
도면51a



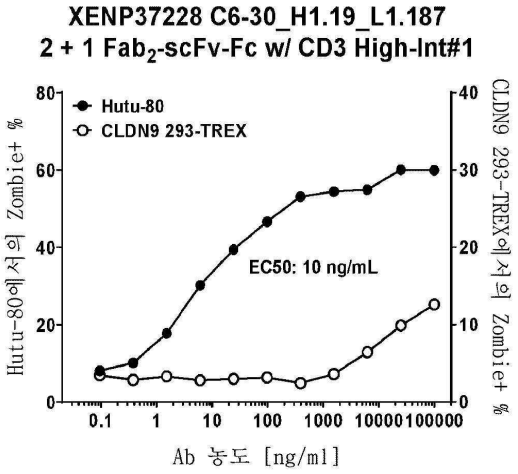
도면51b



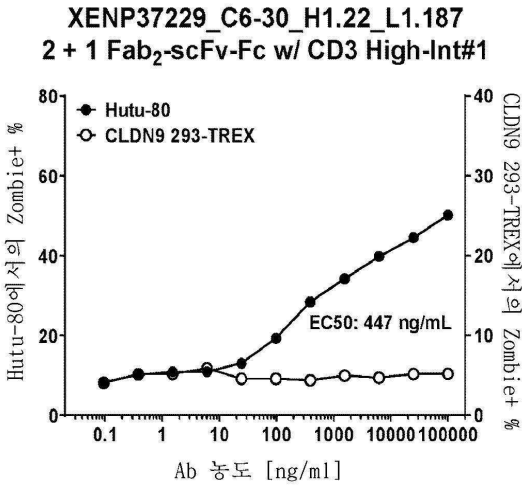
도면52a



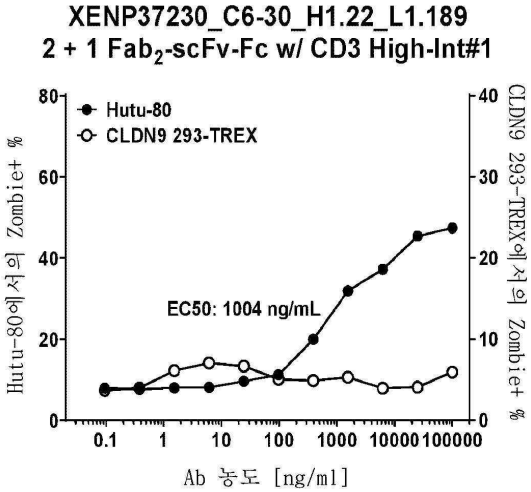
도면52b



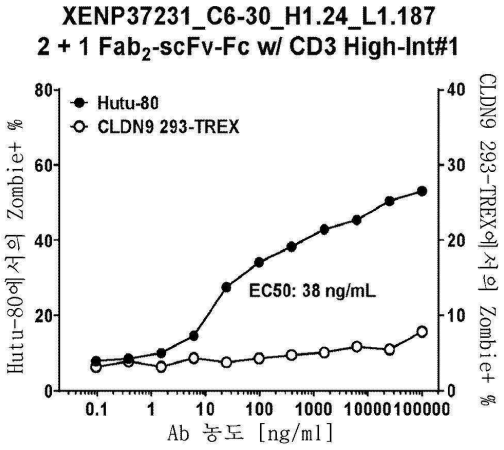
도면52c



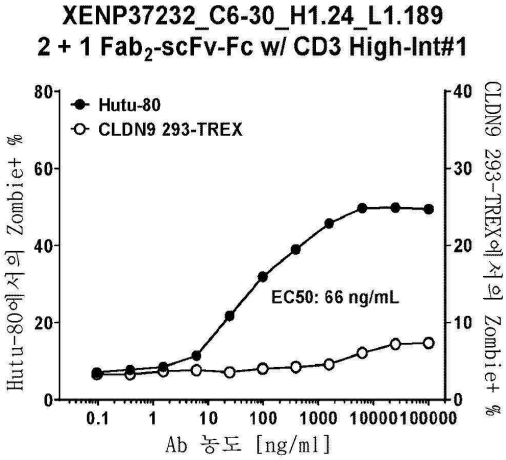
도면52d



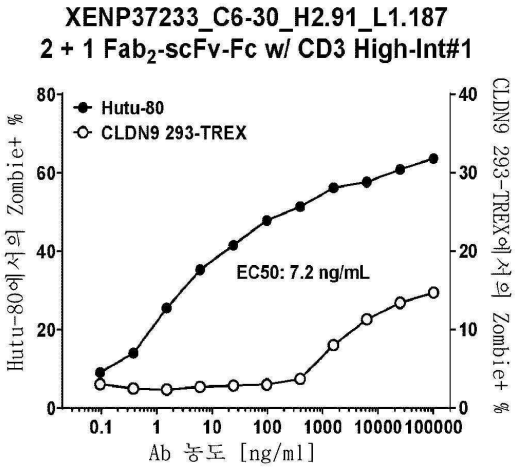
도면52e



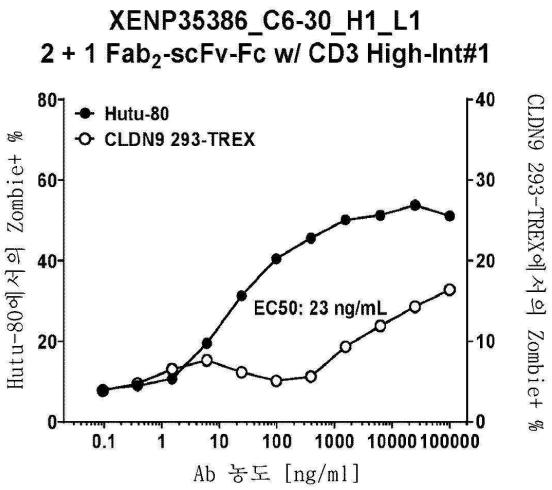
도면52f



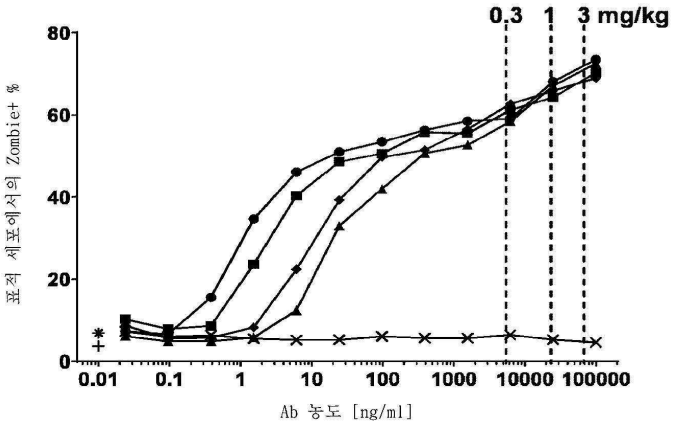
도면52g



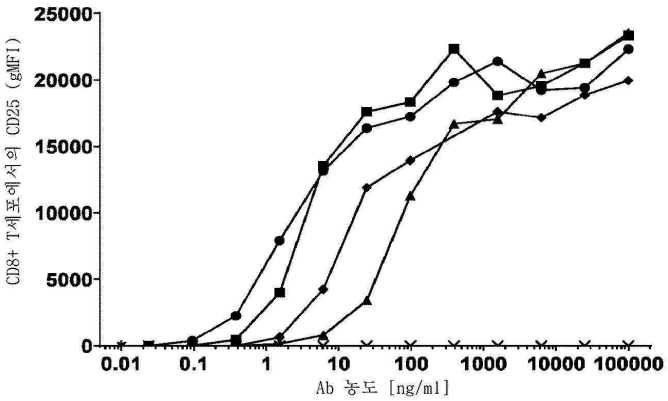
도면52h



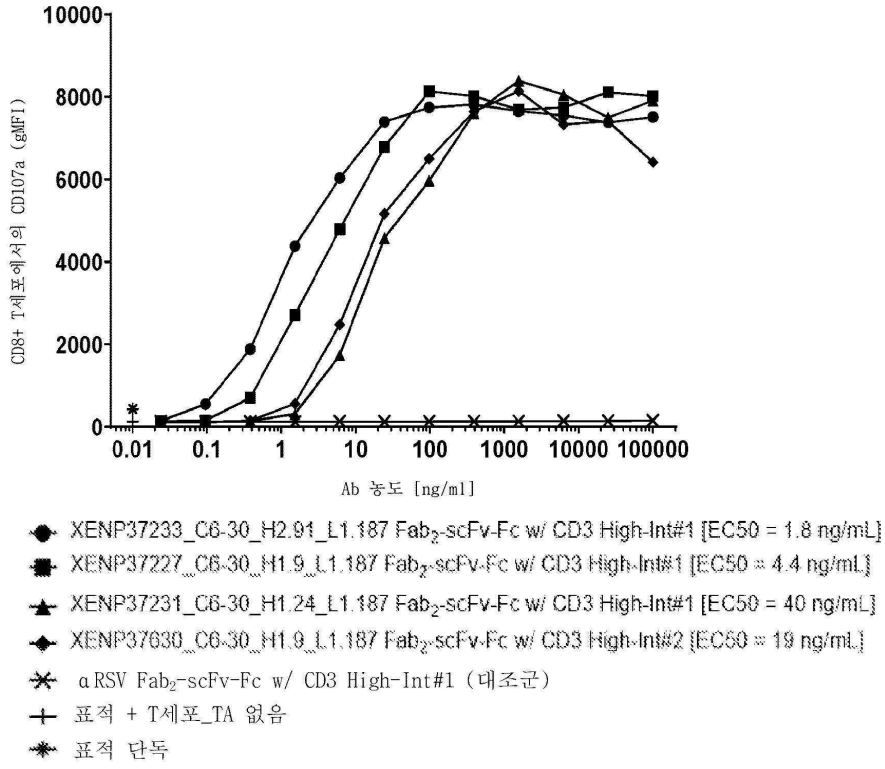
도면53a



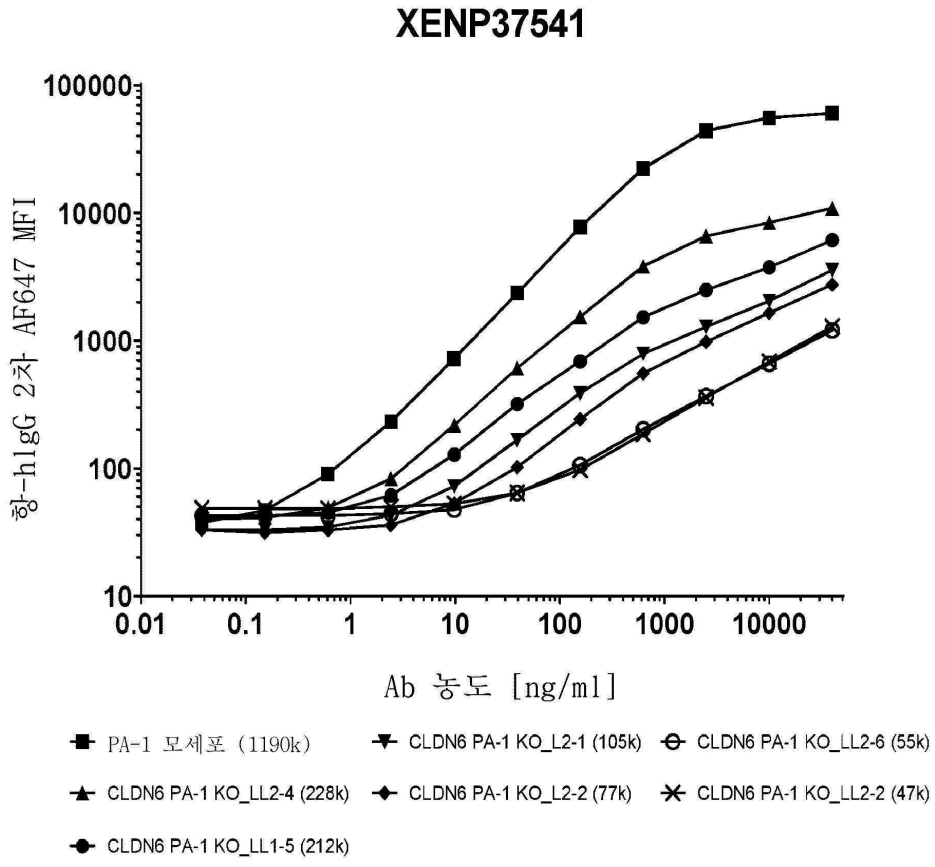
도면53b



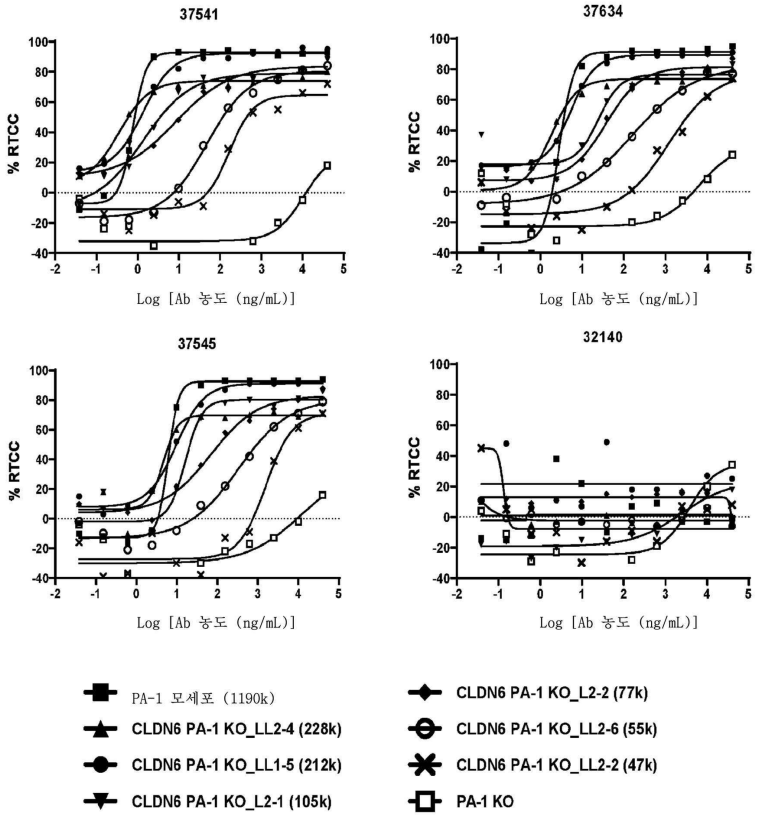
도면53c


CD8+ T세포에서의 CD107a (gMFI)
10000
8000
6000
4000
2000
0
0.01
0.1
1
10
100
1000
10000
100000
Ab 농도 [ng/ml]
XENP37233_C6-30_H2.91_L1.187 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1 [EC50 = 1.8 ng/mL]
XENP37227_C6-30_H1.9_L1.187 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1 [EC50 = 4.4 ng/mL]
XENP37231_C6-30_H1.24_L1.187 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1 [EC50 = 40 ng/mL]
XENP37630_C6-30_H1.9_L1.187 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#2 [EC50 = 19 ng/mL]
αRSV Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1 (대조군)
표적 + T세포_TA 없음
표적 단독

도면54

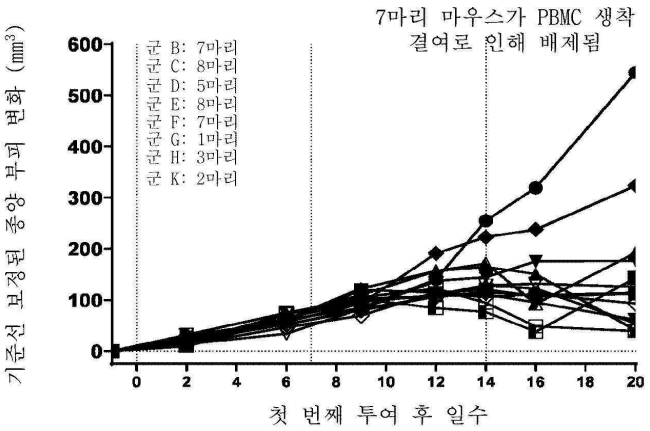

XENP37541
항-hIgG 2차 AF647 MFI
100000
10000
1000
100
10
0.01
0.1
1
10
100
1000
10000
Ab 농도 [ng/ml]
PA-1 모세포 (1190k)
CLDN6 PA-1 KO_L2-1 (105k)
CLDN6 PA-1 KO_LL2-6 (55k)
CLDN6 PA-1 KO_LL2-4 (228k)
CLDN6 PA-1 KO_L2-2 (77k)
CLDN6 PA-1 KO_LL2-2 (47k)
CLDN6 PA-1 KO_LL1-5 (212k)

도면55

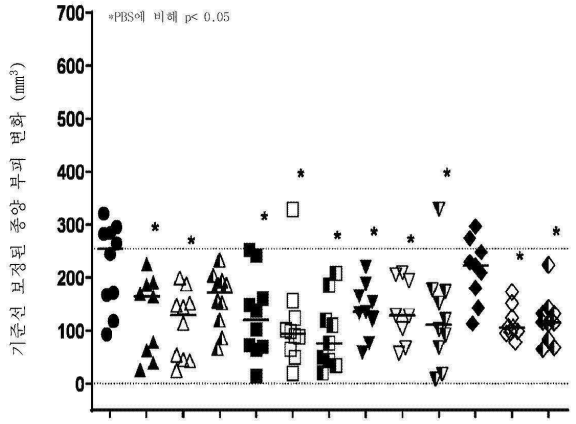


EC50	모 (1190K)	LL2-4 (228K)	LL1-5 (212K)	L2-1 (105K)	L2-2 (77K)	LL2-6 (55K)	LL2-2 (47K)
XENP37541	0.76 ng/mL	0.35 ng/mL	1.3 ng/mL	1.4 ng/mL	8.3 ng/mL	47 ng/mL	170 ng/mL
XENP37634	2.8 ng/mL	1.8 ng/mL	5.3 ng/mL	24 ng/mL	37 ng/mL	160 ng/mL	1200 ng/mL
XENP37545	6.1 ng/mL	4.6 ng/mL	10 ng/mL	16 ng/mL	70 ng/mL	340 ng/mL	1600 ng/mL

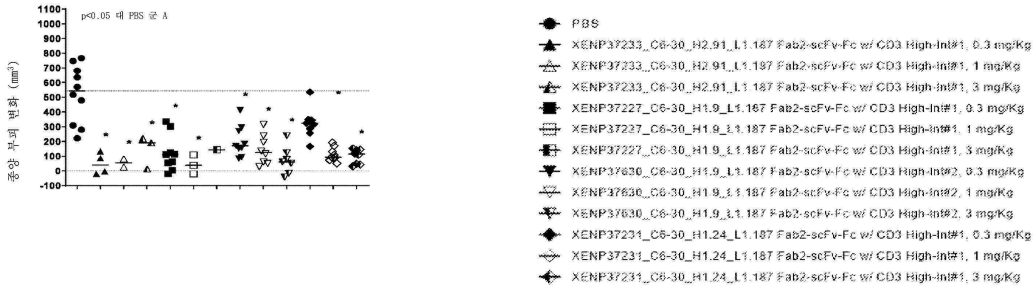
도면56a



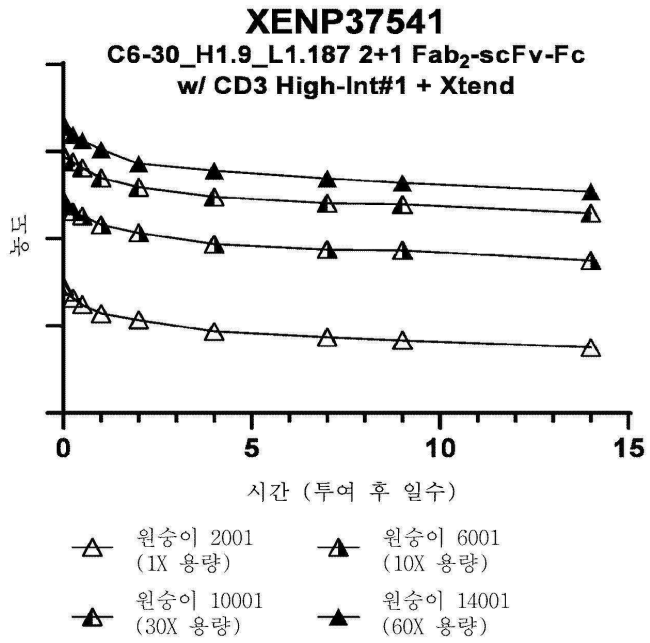
도면56b



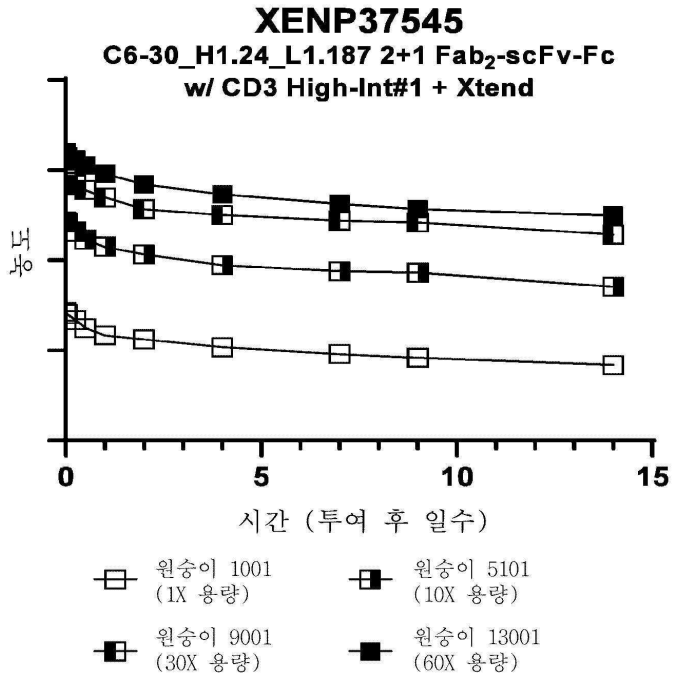
도면56c



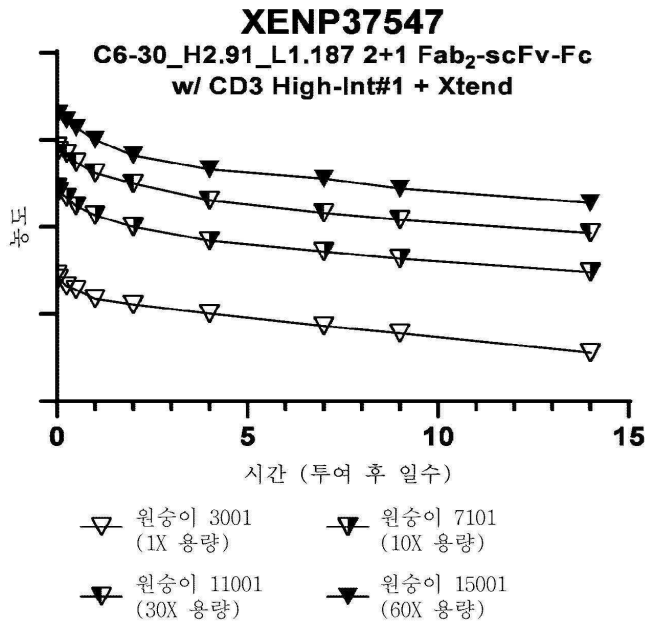
도면57a



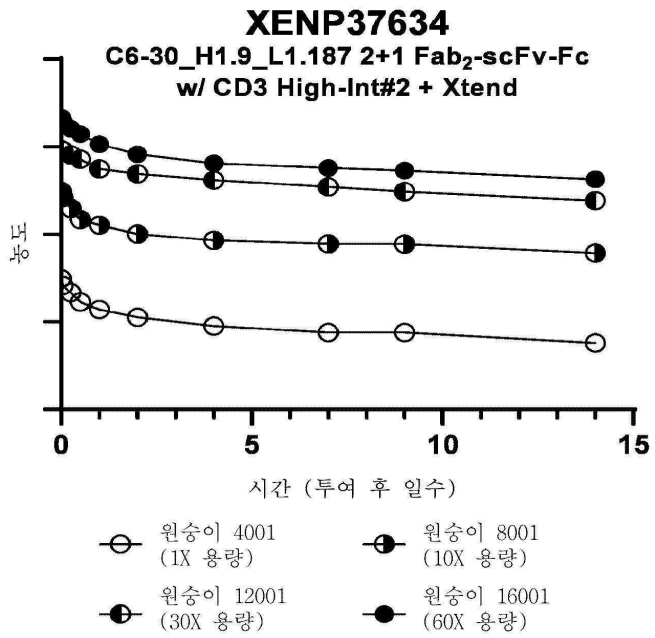
도면57b


XENP37545
C6-30_H1.24_L1.187 2+1 Fab2-scFv-Fc
w/ CD3 High-Int#1 + Xtend
농도
0
5
10
15
시간 (투여 후 일수)
원숭이 1001 (1X 용량)
원숭이 5101 (10X 용량)
원숭이 9001 (30X 용량)
원숭이 13001 (60X 용량)

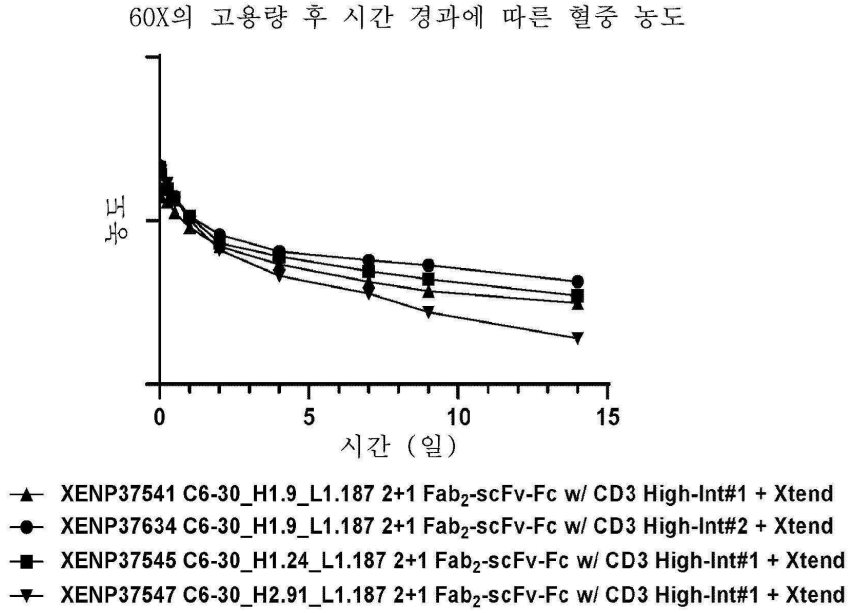
도면57c


XENP37547
C6-30_H2.91_L1.187 2+1 Fab2-scFv-Fc
w/ CD3 High-Int#1 + Xtend
농도
0
5
10
15
시간 (투여 후 일수)
원숭이 3001 (1X 용량)
원숭이 7101 (10X 용량)
원숭이 11001 (30X 용량)
원숭이 15001 (60X 용량)

도면57d


XENP37634
C6-30_H1.9_L1.187 2+1 Fab2-scFv-Fc
w/ CD3 High-Int#2 + Xtend
농도
0
5
10
15
시간 (투여 후 일수)
원숭이 4001
(1X 용량)
원숭이 8001
(10X 용량)
원숭이 12001
(30X 용량)
원숭이 16001
(60X 용량)

도면58


60X의 고용량 후 시간 경과에 따른 혈중 농도
농도
0
5
10
15
시간 (일)
XENP37541 C6-30_H1.9_L1.187 2+1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1 + Xtend
XENP37634 C6-30_H1.9_L1.187 2+1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#2 + Xtend
XENP37545 C6-30_H1.24_L1.187 2+1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1 + Xtend
XENP37547 C6-30_H2.91_L1.187 2+1 Fab2-scFv-Fc w/ CD3 High-Int#1 + Xtend

도면59a

>XENP37630 C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.89_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S_-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 570)

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.89_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDEYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 571)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 572)

>XENP37634 C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab-C6-30[CLDN6]_H1.9_L1.187_Fab_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.89_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S/M428L/N434S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

사슬 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S/M428L/N434S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 573)

도면59b

사슬 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[항-CD3]_L1.47_H1.89_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKTSGYTFTEYTMHWVRQAPGQSLEWMGGIDPNNANTHYNQKFQGRVTITVDKSA
STAYMELSSLRSEDTAVYYCARIYYFGRLYFDFWGAGTLVTVSS/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCGGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKYNNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDEYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGSKTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVK
HEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPR
EPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNV
FSCSVLHEALHSHYTQKSLSLSPGK (서열번호 574)

사슬 3 - C6-30[CLDN6]_L1.187_경쇄

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCQASEDIYNRLAWYQQKPGKVPKLLISGATSLETGVPSRFSGSGSGKDYTFTISSLQPE
DIATYYCQQYWSAPLTFGGGTKVEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGNS
QESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 575)

도면60a

>XENP37217_Comp_CH02[CLDN6]_H0L0_Fab-Comp_CH02[CLDN6]_H0L0_Fab_(G4S)2_SP34_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2-IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S-Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

사슬 1- Comp_CH02[CLDN6]_H0_Fab_(G4S)2_SP34_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2 - Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

EVQVEQSGLELVKPGASVKISCKTSGYTFTEYTMHWVKQSHGKSLEWIGGINPNNGNTRYNQKFKDKATLTVDKSSRT
AYMELHTLTSEDSAVYYCARCGDYDLFFFFAYWGQGTLVTVSA/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSC/GGGGSGGGGS/
QAVVTQEPSLTVSPGGTVTLTCGSSTGAVTTSNYANWVQQKPGKSPRGLIGGTNKRAPGVPARFSGSLLGGKAALTISG
AQPEDEADYYCALWYSNHWVFGGGTKLTVL/GKPGSGKPGSGKPGSGKPGS/EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG
FTFSTYAMNWVRQAPGKGLEWVGRIRSKANNYATYYADSVKGRFTISRDDSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCVRHG
NFGDSYVSWFAYWGQGTLVTVSS/GGGGSGGGGS/KTHTCPPCPAPPVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDV
KHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYNSTYRVVSVLTVLHQDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQP
REPQVYTLPPSREQMTKNQVKLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPENNYKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGN
VFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 576)

사슬 2- Comp_CH02[CLDN6]_H0_Fab -IgG1_pI(-)_등입체성_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

EVQVEQSGLELVKPGASVKISCKTSGYTFTEYTMHWVKQSHGKSLEWIGGINPNNGNTRYNQKFKDKATLTVDKSSRT
AYMELHTLTSEDSAVYYCARCGDYDLFFFFAYWGQGTLVTVSA/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSDTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
PVAGPSVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVKHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEEYNSTYRVVSVLTVLHQ
DWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCDVSGFYPSDIAVEWESDGQPENN
YKTTPPVLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWEQGDVFSCSVMHEALHNHYTQKSLSLSPGK (서열번호 577)

사슬 3- Comp_CH02[CLDN6]_L0_경쇄

DIVMTQFQKFMSTSVGDRVSVTCKASQNVGTNVAWYQQKPGQSPEALISSASSRFSGVPDRFTGSGSGTDFTLTITNVQ
SEDLADYFCQQYNSFPFTFGSGTELEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGN
SQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 578)

>XENP38084_Comp_CH02[CLDN6]_H0_L0

사슬 1- Comp_CH02[CLDN6]_H0_중쇄

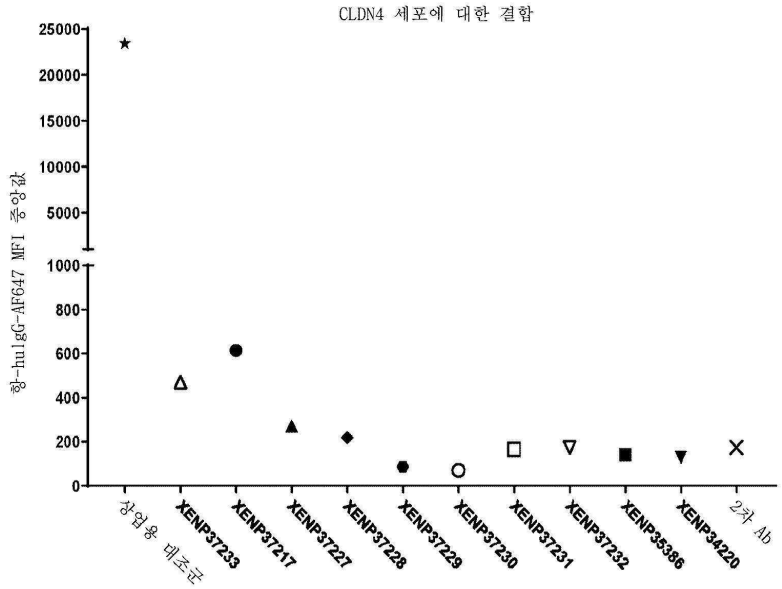
EVQVEQSGLELVKPGASVKISCKTSGYTFTEYTMHWVKQSHGKSLEWIGGINPNNGNTRYNQKFKDKATLTVDKSSRT
AYMELHTLTSEDSAVYYCARCGDYDLFFFFAYWGQGTLVTVSA/ASTKGPSVFPLAPSSKSTSGGTAALGCLVKDYFPE
PVTVSWNSGALTSGVHTFPAVLQSSGLYSLSSVVTVPSSSLGTQTYICNVNHKPSNTKVDKKVEPKSCDKTHTCPPCPAP
ELRGGPKVFLFPPKPKDTLMISRTPEVTCVVVDVSHEDPEVKFNWYVDGVEVHNAKTKPREEQYASTYRVVSVLTVLH
QDWLNGKEYKCKVSNKALPAPIEKTISKAKGQPREPQVYTLPPSREEMTKNQVSLTCLVKGFYPSDIAVEWESNGQPEN
NYKTTPPYLDSDGSFFLYSKLTVDKSRWQQGNVFSCSVMHEALHNHYTQESLSLSP (서열번호 579)

도면60b

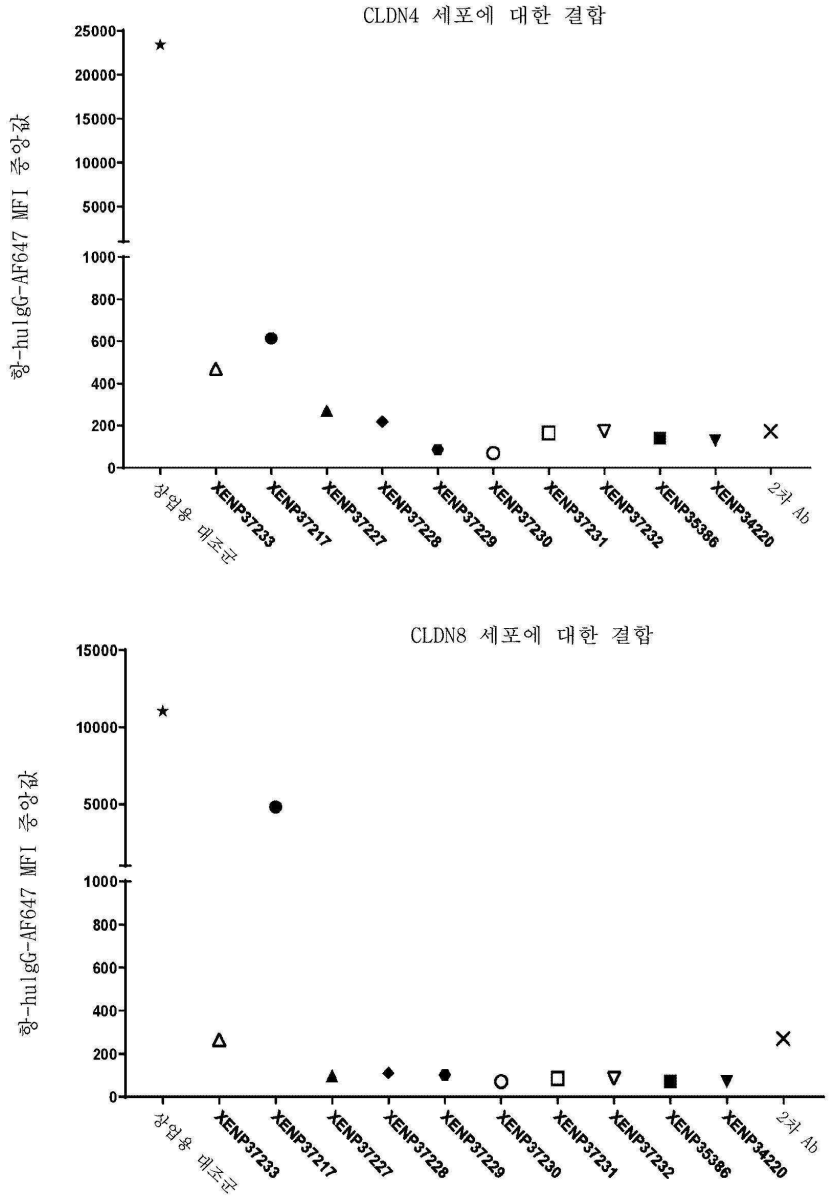
사슬 2- Comp_CH02[CLDN6]_H0_L0

DIVMTQFQKFMSTSVGDRVSVTCKASQNVGTNVAWYQQKPGQSPEALISSASSRFSGVPDRFTGSGSGTDFTLTITNVQ
SEDLADYFCQQYNSFPFTFGSGTELEIK/RTVAAPSVFIFPPSDEQLKSGTASVVCLLNNFYPREAKVQWKVDNALQSGN
SQESVTEQDSKDSTYSLSSTLTLSKADYEKHKVYACEVTHQGLSSPVTKSFNRGEC (서열번호 580)

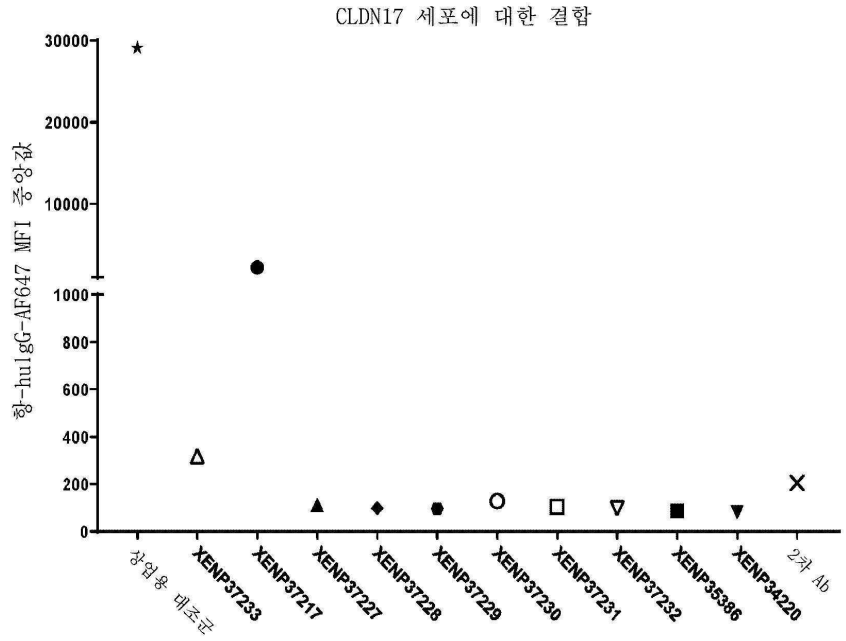
도면61a


CLDN4 세포에 대한 결합
형-hulgG-AF647 MFI 중앙값
25000
20000
15000
10000
5000
1000
800
600
400
200
0
상업용 대조군
XENP37233
XENP37217
XENP37227
XENP37228
XENP37229
XENP37230
XENP37231
XENP37232
XENP35386
XENP34220
2차 Ab

도면61b


CLDN4 세포에 대한 결합
항-hulgG-AF647 MFI 중앙값
25000
20000
15000
10000
5000
1000
800
600
400
200
0
정답용 대조군
XENP37233
XENP37217
XENP37227
XENP37228
XENP37229
XENP37230
XENP37231
XENP37232
XENP35386
XENP34220
2차 Ab
CLDN8 세포에 대한 결합
항-hulgG-AF647 MFI 중앙값
15000
10000
5000
1000
800
600
400
200
0
정답용 대조군
XENP37233
XENP37217
XENP37227
XENP37228
XENP37229
XENP37230
XENP37231
XENP37232
XENP35386
XENP34220
2차 Ab

도면61c



★ 상업용 양성 대조군
● XENP37217 Comp_CH02[CLDN6]_H0L0
■ XENP35386 C6-30_H2L1 모 항체
▼ XENP34220 C6-30_H1L1 모 항체
▲ XENP37227 C6-30_H1.9_L1.187
◆ XENP37228 C6-30_H1.19_L1.187
⬢ XENP37229 C6-30_H1.22_L1.187
○ XENP37230 C6-30_H1.22_L1.189
□ XENP37231 C6-30_H1.24_L1.187
▽ XENP37232 C6-30_H1.24_L1.189
△ XENP37233 C6-30_H2.91_L1.187

서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> XENCOR, INC.

<120> HETERODIMERIC ANTIBODIES THAT BIND CD3 AND CLDN6

<130> 067461-5281-WO

<150> 63/158,584

<151> 2021-03-09

<160> 580

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +H

<400> 1

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 2

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of

substitutions and preferred embodiments

<400> 2

Gly Gly Gly Gly Ser

1 5

<210> 3

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of

substitutions and preferred embodiments

<400> 3

Gly Ser Gly Gly Ser

1 5

<210> 4

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220>

<223> See specification as filed for detailed description of substitutions and preferred embodiments

<400> 4

Gly Gly Gly Ser

1

<210> 5

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker

<400> 5

Gly Gly Gly Gly Ser

1 5

<210> 6

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers Gly-Ser 15

<400> 6

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 7

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers Whitlow linker

<400> 7

Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr

1 5 10 15

Lys Gly

<210> 8

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers 6paxA_1 (+A)

<400> 8

Ile Arg Pro Arg Ala Ile Gly Gly Ser Lys Pro Arg Val Ala

1 5 10

<210> 9

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +B

<400> 9

Gly Lys Gly Gly Ser Gly Lys Gly Gly Ser Gly Lys Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 10

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +C

<400> 10

Gly Gly Lys Gly Ser Gly Gly Lys Gly Ser Gly Gly Lys Gly Ser

1 5 10 15

<210> 11

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +D

<400> 11

Gly Gly Gly Lys Ser Gly Gly Gly Lys Ser Gly Gly Gly Lys Ser

1 5 10 15

<210> 12

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +E

<400> 12

Gly Lys Gly Lys Ser Gly Lys Gly Lys Ser Gly Lys Gly Lys Ser

1 5 10 15

<210> 13

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +F

<400> 13

Gly Gly Gly Lys Ser Gly Gly Lys Gly Ser Gly Lys Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 14

<

211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +G

<400> 14

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser

1 5 10 15

<210> 15

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> scFv Linker

<400> 15

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 16

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Positive Charged scFv Linkers +I

<400> 16

Gly Lys Gly Lys Ser Gly Lys Gly Lys Ser Gly Lys Gly Lys Ser Gly
1 5 10 15

Lys Gly Lys Ser
20

<210> 17

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers Gly-Ser 20

<400> 17

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser
20

<210> 18

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers 3hsc_2 (-A)

<400> 18

Ser Thr Ala Gly Asp Thr His Leu Gly Gly Glu Asp Phe Asp
1 5 10

<210> 19

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers -B

<400> 19

Gly Glu Gly Gly Ser Gly Glu Gly Gly Ser Gly Glu Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 20

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers -C

<400> 20

Gly Gly Glu Gly Ser Gly Gly Glu Gly Ser Gly Gly Glu Gly Ser

1 5 10 15

<210> 21

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers -D

<400> 21

Gly Gly Gly Glu Ser Gly Gly Gly Glu Ser Gly Gly Gly Glu Ser

1 5 10 15

<210> 22

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers -E

<400> 22

Gly Glu Gly Glu Ser Gly Glu Gly Glu Ser Gly Glu Gly Glu Ser

1 5 10 15

<210> 23

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers -F

<400> 23

Gly Gly Gly Glu Ser Gly Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 24

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Negative Charged scFv Linkers -G

<400> 24

Gly Glu Gly Glu Ser Gly Glu Gly Glu Ser Gly Glu Gly Glu Ser Gly

1 5 10 15

Glu Gly Glu Ser

20

<210> 25

<211> 15

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> scFv Linker

<400> 25

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 26

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> scFv Linker

<400> 26

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser

20

<210> 27

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> scFv Linker

<400> 27

Gly Ser Thr Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Ser Thr

1 5 10 15

Lys Gly

<210> 28

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> scFv Linker

<400> 28

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

1 5 10 15

Pro Gly Ser

<210> 29

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> scFv Linker

<400> 29

Gly Thr Ala Ala Ala Gly Ala Gly Ala Ala Gly Gly Ala Ala Ala Gly

1 5 10 15

Ala Ala Gly

<210>

30

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> scFv Linker

<400> 30

Gly Thr Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly

<210> 31

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Domain linker

<400> 31

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10

<210> 32

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker

<400> 32

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser

1 5 10 15

<210> 33

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker

<400> 33

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ser

20

<210> 34

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker

<400> 34

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
20 25

<210> 35

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> Domain linker

<400> 35

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser
20 25 30

<210> 36

<211> 35

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> Domain linker

<400> 36

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly
1 5 10 15
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly
20 25 30
Gly Gly Ser
35

<210> 37

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Domain linker

<400> 37

Gly Gly Gly Gly Ala

1 5

<210> 38

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Domain linker

<400> 38

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala

1 5 10

<210> 39

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Domain linker

<400> 39

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala

1 5 10 15

<210> 40

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Domain linker

<400> 40

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ala
20

<210> 41

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker

<400> 41

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala
20 25

<210> 42

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> Domain linker

<400> 42

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly
1 5 10 15

Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala
20 25 30

<210> 43

<211> 35

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> Domain linker

<400> 43

Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly

1 5 10 15

Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly Gly Gly Ala Gly Gly

20 25 30

Gly Gly Ala

35

<210> 44

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> Domain linker 30AA-linker

<400> 44

Asp Pro Ala Leu Val His Gln Arg Pro Ala Pro Pro Gly Gly Gly Gly

1 5 10 15

Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

20 25 30

<210> 45

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> Domain linker

<400> 45

Gly Lys Pro Gly Ser

1 5

<210> 46

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker

<400> 46

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser

20 25

<210> 47

<211> 30

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> Domain linker

<400> 47

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser

20 25 30

<210> 48

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker

<400> 48

Gly Gly Gly Glu Ser

1 5

<210> 49

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker "half hinge"

<400> 49

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro

1 5

<210> 50

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker "full hinge C220S variant"

<400> 50

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

1 5 10 15

<210> 51

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> Domain linker "flex half hinge"

<400

> 51

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Lys Thr His Thr Cys Pro

1 5 10 15

Pro Cys Pro

<210> 52

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> Domain linker "charged half hinge1"

<400> 52

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Lys Thr His Thr Cys Pro
1 5 10 15

Pro Cys Pro

<210> 53

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> Domain linker "charged half hinge2"

<400> 53

Gly Lys Pro Gly Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro
1 5 10

<210> 54

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 1 Fab-Fc Side

<400> 54

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

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn

260 265 270

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

275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val

290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 55

<211> 231

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 1 scFv-Fc Side

<400> 55

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

225 230

<210> 56

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 2 Fab-Fc Side

<400> 56

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu

165 170 175

Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His

180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn

260 265 270

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

275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val

290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 57

<211> 231

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 2 scFv-Fc Side

<400> 57

Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15

Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
35 40 45

Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
50 55 60

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
65 70 75 80

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
85 90 95

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
100 105 110

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
115 120 125

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys
130 135 140

Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
145 150 155 160

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
165 170 175

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

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
195 200 205
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
210 215 220
Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230
<210> 58
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 3 Fab-Fc Side

<400> 58
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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys

115 120 125

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Glu Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270
Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285
Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 59
<211> 231
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 3 scFv-Fc Side

<400> 59

Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15

Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
35 40 45

Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
50 55 60

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
65 70 75 80

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
85 90 95

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
100 105 110

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
115 120 125

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys
130 135 140

Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
145 150 155 160

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
165 170 175

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

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
195 200 205

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

210 215 220

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230

<210> 60
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 4 Fab-Fc Side
<400> 60

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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
115 120 125
Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Glu Asn Glu Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270
Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Glu Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 61
<211> 231
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 4 scFv-Fc Side

<400> 61
Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15

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

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
65 70 75 80
Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
85 90 95
Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
100 105 110
Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
115 120 125

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys
130 135 140
Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
145 150 155 160
Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
165 170 175
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Lys Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
180 185 190

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
195 200 205
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
210 215 220
Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230

<210> 62

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 5 Fab-Fc Side

<400> 62

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

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140

Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175

Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205

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

210 215 220

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu
225 230 235 240

Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 63

<211> 231

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 5 scFv-Fc Side

<400> 63

Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15

Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
35 40 45

Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Gln Leu Thr Lys

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

225 230

<210> 64

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 6 Fab-Fc Side

<400> 64

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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
115 120 125
Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 65
<211> 231
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 6 scFv-Fc Side

<400> 65
Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15
Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
35 40 45
Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
50 55 60

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
65 70 75 80
Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
85 90 95
Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
100 105 110
Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg

115 120 125

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys
130 135 140
Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
145 150 155 160
Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
165 170 175
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
180 185 190

Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
195 200 205
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
210 215 220
Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230

<210> 66
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 7 Fab-Fc Side

<400> 66
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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
115 120 125

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Ser Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270
Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285
Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 67
<211> 231
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 7 scFv-Fc Side
<400> 67

Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15
Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

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

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
100 105 110
Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
115 120 125
Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys
130 135 140
Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
145 150 155 160

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
165 170 175
Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
180 185 190
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
195 200 205
Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser
210 215 220

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230

<210> 68

<211> 327

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 8 Fab-Fc Side

<400> 68

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 Asp Thr Lys Val Asp Lys
85 90 95

Arg Val Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro 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 Glu 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 Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
245 250 255

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp 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 Glu Glu Gly Asp 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> 69

<211> 229

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 8 scFv-Fc Side

<400> 69

Glu Ser Lys Tyr Gly Pro Pro Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Phe
1 5 10 15

Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
20 25 30

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
35 40 45

Ser Gln Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
50 55 60

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Phe Asn Ser
65 70 75 80

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
85 90 95

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ser
100 105 110

Ser Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
115 120 125

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Gln Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln
130 135 140

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

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
165 170 175

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Arg Leu
180 185 190

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Glu Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
195 200 205

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

210 215 220

Leu Ser Leu Gly Lys

225

<210> 70

<211> 326

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 9 Fab-Fc Side

<400> 70

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 Asn Phe Gly Thr Gln Thr
65 70 75 80
Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys
85 90 95
Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
100 105 110
Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp
115 120 125

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp
130 135 140
Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly
145 150 155 160
Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Phe Asn

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 71

<211> 228

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 9 scFv-Fc Side

<400> 71

Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val

1 5 10 15

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

20 25 30

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

Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro Ala Pro
100 105 110
Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln
115 120 125
Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val
130 135 140
Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val
145 150 155 160

Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro
165 170 175
Pro Met Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr
180 185 190
Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val
195 200 205
Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu
210 215 220

Ser Pro Gly Lys
225

<210> 72
<211> 326
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 10 Fab-Fc Side

<400> 72

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 Asn Phe Gly Thr Gln Thr
65 70 75 80

Tyr Thr Cys Asn Val Asp His Lys Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys
85 90 95

Thr Val Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro
100 105 110

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

Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp
130 135 140

Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly
145 150 155 160

Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Phe Asn
165 170 175

Ser Thr Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp
180 185 190

Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Gly Leu Pro
195 200 205

Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Thr Lys Gly Gln Pro Arg Glu
210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 73

<211> 228

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 10 scFv-Fc Side

<400> 73

Glu Arg Lys Cys Cys Val Glu Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

His Glu Asp Pro Glu Val Gln Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu

50 55 60

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

65 70 75 80

Phe Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Val His Gln Asp Trp Leu Asn

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Ser Pro Gly Lys

225

<210> 74

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 11 Fab-Fc Side

<400> 74

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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
        115                 120                 125
Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
    130                 135                 140

Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145                 150                 155                 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
                165                 170                 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
            180                 185                 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
        195                 200                 205

Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
    210                 215                 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225                 230                 235                 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
                245                 250                 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
            260                 265                 270
```

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 75

<211> 231

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 11 scFv-Fc Side

<400> 75

Glu Pro Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
1 5 10 15

Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
35 40 45

Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp
50 55 60

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
65 70 75 80

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
85 90 95

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
100 105 110

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
115 120 125

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys
130 135 140
Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
145 150 155 160
Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
165 170 175

Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser
180 185 190
Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser
195 200 205
Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser
210 215 220
Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
225 230

<210> 76
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 12 Fab-Fc Side
<400> 76
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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
115 120 125
Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175

Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240

Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ala Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270
Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285
Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val
290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 77

<211> 231

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 1 + 1 Fab-scFv-Fc Backbone 12 scFv-Fc Side

<400> 77

Glu Arg Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Arg Pro Ala
1 5 10 15

Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val
35 40 45

Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Lys Trp Tyr Val Asp
50 55 60

Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr
65 70 75 80

Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp
85 90 95

Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu
100 105 110

Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg
115 120 125

Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys
130 135 140

Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp
145 150 155 160

Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys
165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

225 230

<210> 78

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 1 Fab-Fc Side

<400> 78

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

115 120 125

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

130 135 140

Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205

Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285
Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 79
<211> 216
<212> PRT
<213
> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 1 Fab-scFv-Fc Side

<400> 79

Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
1 5 10 15

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
20 25 30

Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
35 40 45

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
50 55 60

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
85 90 95

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
100 105 110

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr
115 120 125

Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
130 135 140

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

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
165 170 175

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
180 185 190

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
210 215

<210> 80

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 2 Fab-Fc Side

<400> 80

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

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140

Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175

Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn

260 265 270

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

275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val

290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 81

<211> 216

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 2 Fab-scFv-Fc Side

<400> 81

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

50 55 60

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
85 90 95

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
100 105 110

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
115 120 125

Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
130 135 140

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

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
165 170 175

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
180 185 190

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
210 215

<210> 82

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 3 Fab-Fc Side

<400> 82

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu

165 170 175

Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His

180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Glu Val Ser Gly Phe Tyr Pro

245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn

260 265 270

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285
Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 83
<211> 216
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 3 Fab-scFv-Fc Side
<400> 83
Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
1 5 10 15

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
20 25 30
Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
35 40 45
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
50 55 60
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
85 90 95
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
100 105 110
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
115 120 125

Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
130 135 140

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
145 150 155 160
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
165 170 175
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
180 185 190
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
210 215

<210> 84
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 4 Fab-Fc Side
<400> 84
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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
115 120 125
Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Glu Asn Glu Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270
Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Glu Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 85

<211> 216

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 4 Fab-scFv-Fc Side

<400> 85

Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
1 5 10 15

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
20 25 30

Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
35 40 45

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
50 55 60

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
85 90 95

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
100 105 110

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr
115 120 125

Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
130 135 140

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

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Lys Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
165 170 175

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

180 185 190

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
210 215

<210> 86

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 5 Fab-Fc Side

<400> 86

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

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140

Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205

Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu
225 230 235 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285
Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 87

<211> 216

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 5 Fab-scFv-Fc Side

<400> 87

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

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
50 55 60
Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
65 70 75 80
Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
85 90 95
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
100 105 110

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Gln Leu Thr
115 120 125
Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
130 135 140
Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
145 150 155 160
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
165 170 175

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
180 185 190
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
195 200 205
Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
210 215

<210> 88
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 6 Fab-Fc Side

<400> 88

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

Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140

Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175

Glu Tyr Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205

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

210 215 220

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240

Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270

Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 89

<211> 216

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 6 Fab-scFv-Fc Side

<400> 89

Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
1 5 10 15

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
20 25 30

Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
35 40 45

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
50 55 60

Tyr Ala Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

210 215

<210> 90

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 7 Fab-Fc Side

<400> 90

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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
115 120 125
Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160
Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175

Glu Tyr Ser Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220
Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240

Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270
Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 91
<211> 216
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 7 Fab-scFv-Fc Side
<400> 91
Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
1 5 10 15

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
20 25 30
Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
35 40 45
Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
50 55 60
Tyr Ser Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
85 90 95
Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
100 105 110
Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr
115 120 125
Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

130 135 140

Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
145 150 155 160
Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
165 170 175
Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
180 185 190
Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
210 215

<210> 92
<211> 329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 8 Fab-Fc Side
<400> 92
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 Asp 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys
115 120 125
Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val
130 135 140
Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr
145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu
165 170 175
Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His
180 185 190
Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys
195 200 205
Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln
210 215 220

Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met
225 230 235 240
Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro
245 250 255
Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn
260 265 270
Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu
275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val
290 295 300
Phe Ser Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln
305 310 315 320
Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
325

<210> 93

<211> 216

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 8 Fab-scFv-Fc Side

<400> 93

Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
1 5 10 15

Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
20 25 30

Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
35 40 45

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
50 55 60

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln
65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
85 90 95

Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
100 105 110

Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr
115 120 125

Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
130 135 140

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

Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
165 170 175

Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
180 185 190

Ser Cys Ser Val Leu His Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys

195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

210 215

<210> 94

<211> 329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 9 Fab-Fc Side

<400> 94

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu

165 170 175

Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His

180 185 190

Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn

260 265 270

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

275 280 285

Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val

290 295 300

Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln

305 310 315 320

Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

325

<210> 95

<211> 216

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> 2 + 1 Fab2-scFv-Fc Backbone 9 Fab-scFv-Fc Side

<400> 95

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

1 5 10 15

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

20 25 30

Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Lys Trp Tyr Val

35 40 45

Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln

50 55 60

Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln

65 70 75 80

Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

Lys Asn Gln Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

210 215

<210> 96

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> Constant Light Domain - Kappa

<400> 96

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> 97
<211> 106
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> Constant Light Domain - Lambda

<400> 97

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

50 55 60

Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro Glu Gln Trp Lys
65 70 75 80
Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu Gly Ser Thr Val
85 90 95
Glu Lys Thr Val Ala Pro Thr Glu Cys Ser
100 105

<210> 98
<211> 254
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv scFv (VHVL)

<400> 98
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr
20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Lys Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
130 135 140
Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly
145 150 155 160
Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr
165 170 175
Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg
180 185 190

Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg
195 200 205
Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly
210 215 220
Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser
225 230 235 240
Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245 250

<210> 99
<211> 254
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv scFv (VLVH)
<400> 99
Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15
Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30
Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly

35 40 45
Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95
His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro

100 105 110
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
115 120 125
Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
130 135 140
Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145 150 155 160
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

165 170 175
Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
180 185 190
Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
195 200 205
Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
210 215 220
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp

225 230 235 240
Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 100
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv Variable Heavy (vh) Domain
<400> 100

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr
20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 101
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220
><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv vhCDR1
<400> 101
Thr Tyr Ala Met Asn
1 5

<210> 102
<211> 19
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv vhCDR2

<400> 102

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser
1 5 10 15
Val Lys Gly

<210> 103

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv vhCDR3

<400> 103

His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr
1 5 10

<210> 104

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv Variable Light (vl) Domain

<400> 104

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

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95
His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 105
<211> 14
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv vlCDR1
<400> 105
Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn
1 5 10

<210> 106
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv vlCDR2
<400> 106
Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro
1 5

<210> 107
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv vlCDR3

<400> 107

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val

1 5

<210> 108

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High - [anti-CD3]_H1.30_L1.47_scFv Linker

<400> 108

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 109

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv scFv (VHVL)

<400> 109

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

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

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Lys Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
130 135 140
Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly
145 150 155 160

Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr
165 170 175
Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg
180 185 190
Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg
195 200 205
Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly
210 215 220

Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser
225 230 235 240
Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245 250

<210> 110
<211> 254
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv scFv (VLVH)
<400> 110
Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

20 25 30

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

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro

100 105 110

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp

165 170 175

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

180 185 190

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn

195 200 205

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

210 215 220

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp

225 230 235 240

Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

245 250

<210> 111

<211> 125

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv Variable Heavy (vh)
Domain

<400> 111

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

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

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

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

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

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

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125

<210> 112

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv vhCDR1

<400> 112

Thr Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 113

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv vhCDR2

<400> 113

Arg Ile Arg Ser Lys Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 114

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv vhCDR3

<400> 114

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

1 5 10

<210> 115

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv Variable Light (vl)

Domain

<400> 115

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

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

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 116
<211> 14
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv v1CDR1
<400> 116
Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn
1 5 10
<210> 117
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223
> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv v1CDR2
<400> 117

Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro

1 5

<210> 118

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv vlCDR3

<400> 118

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val

1 5

<210> 119

<211

> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #1 - [anti-CD3]_H1.32_L1.47_scFv Linker

<400> 119

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 120

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv scFv (VHVL)

<400> 120

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

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

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Glu Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

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

115 120 125

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly

130 135 140

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

145 150 155 160

Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr

165 170 175

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

180 185 190

Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg

195 200 205

Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly

210 215 220

Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser

225 230 235 240

Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245 250

<210> 121

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv scFv (VLVH)

<400> 121

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro
100 105 110

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
115 120 125

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
130 135 140

Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145 150 155 160

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
165 170 175

Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
180 185 190

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
195 200 205
Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Glu Tyr Val Ser Trp
225 230 235 240
Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245 250
<210> 122
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv Variable Heavy (vh)
Domain
<400> 122
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

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

65 70 75 80
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr
85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Glu Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 123

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv vhCDR1

<400> 123

Thr Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 124

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv vhCDR2

<400> 124

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 125

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv vhCDR3

<400> 125

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

1 5 10

<210> 126

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223

> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv Variable Light (vl)

Domain

<400> 126

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

20 25 30

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

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 127

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv vlCDR1

<400> 127

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn

1 5 10

<210> 128

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv vlCDR2

<400> 128

Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro

1 5

<210> 129

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv vlCDR3

<400> 129

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val

1 5

<210> 130

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #2 - [anti-CD3]_H1.89_L1.47_scFv Linker

<400> 130

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 131

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv scFv (VHVL)

<400> 131

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

20 25 30
Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Pro Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Lys Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
130 135 140
Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly

145 150 155 160
Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr
165 170 175
Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg
180 185 190

Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg
195 200 205
Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly

210 215 220
Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser
225 230 235 240
Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245 250

<210> 132
<211> 254
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv scFv (VLVH)

<400> 132
Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15
Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30
Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45
Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95
His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro
100 105 110
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly

115 120 125

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
130 135 140
Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145 150 155 160
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
165 170 175
Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
180 185 190

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
195 200 205
Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
210 215 220
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Pro Tyr Val Ser Trp
225 230 235 240
Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 133
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv Variable Heavy (vh)
Domain
<400> 133
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

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

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Pro Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

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

115 120 125

<210> 134

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv vhCDR1

<400> 134

Thr Tyr Ala Met Asn

1 5

<210> 135

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv vhCDR2

<400> 135

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 136

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223
> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv vhCDR3

<400> 136

His Gly Asn Phe Gly Asp Pro Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr
1 5 10

<210> 137

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv Variable Light (vl)
Domain

<400> 137

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 138

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv v1CDR1

<400> 138

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn

1 5 10

<210> 139

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv v1CDR2

<400> 139

Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro

1 5

<210> 140

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv v1CDR3

<400> 140

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val

1 5

<210> 141

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 High-Int #3 - [anti-CD3]_H1.90_L1.47_scFv Linker

<400> 141

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 142

<211> 254

<212> PRT

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv scFv (VHVL)

<400> 142

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

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

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Lys Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
130 135 140
Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly
145 150 155 160
Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr

165 170 175
Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg
180 185 190
Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg
195 200 205
Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly
210 215 220
Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser

225 230 235 240
Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
245 250

<210> 143
<211> 254
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv scFv (VLVH)
<400> 143
Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30
Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60
Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95
His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro
100 105 110
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
115 120 125
Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
130 135 140

Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145 150 155 160
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
165 170 175
Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
180 185 190
Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
195 200 205

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
210 215 220
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp
225 230 235 240
Phe Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 144
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv Variable Heavy (vh)
Domain

<400> 144

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

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr
20 25 30

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

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

50 55 60

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

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

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

Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120 125

<210> 145

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv vhCDR1

<400> 145

Thr Tyr Ala Met Asn
1 5

<210> 146

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv vhCDR2

<400> 146

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 147

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv vhCDR3

<400> 147

His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Asp Tyr

1 5 10

<210>

148

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv Variable Light (vl)

Domain

<400> 148

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

1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser

20 25 30

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

35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala

65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn

85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105

<210> 149

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv vlCDR1

<400> 149

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn

1 5 10

<210> 150

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv vlCDR2

<400> 150

Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro

1 5

<210> 151

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv v1CDR3

<400> 151

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val

1 5

<210> 152

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3-Intermediate - [anti-CD3]_H1.33_L1.47_scFv Linker

<400> 152

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 153

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv scFv (VHVL)

<400> 153

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

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

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

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

115 120 125

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly

130 135 140

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

145 150 155 160

Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr

165 170 175

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

180 185 190

Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg

195 200 205

Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly

210 215 220

Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser

225 230 235 240

Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

245 250

<210> 154

<211> 254

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv scFv (VLVH)

<400> 154

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro
100 105 110

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
115 120 125

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
130 135 140

Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145 150 155 160

Tyr Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
165 170 175

Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
180 185 190

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
195 200 205

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
210 215 220

Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp
225 230 235 240

Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
245 250

<210> 155
<211> 125
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv Variable Heavy (vh) Domain
<400> 155
Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly
1 5 10 15
Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr

20 25 30
Ala Met Ser Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp
50 55 60
Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr
65 70 75 80
Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95
Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe
100 105 110
Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120 125
<210> 156
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv vhCDR1

<400> 156

Thr Tyr Ala Met Ser

1 5

<210> 157

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv vhCDR2

<400> 157

Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly

<210> 158

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv vhCDR3

<400> 158

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

1 5 10

<210> 159

<211> 109

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv Variable Light (vl) Domain

<400> 159

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

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu
100 105

<210> 160

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv vlCDR1

<400> 160

Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn
1 5 10

<210> 161

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv vlCDR2

<400> 161

Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro

1 5

<210> 162

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv vlCDR3

<400> 162

Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val

1 5

<210> 163

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> CD3 Low - [anti-CD3]_H1.31_L1.47_scFv Linker

<400> 163

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly

1 5 10 15

Lys Pro Gly Ser

20

<210> 164

<211> 220

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><223> Human CLDN6 sequence sp|P56747

<400> 164

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

Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Gln Ala Ala
65 70 75 80
Arg Ala Leu Cys Val Ile Ala Leu Leu Val Ala Leu Phe Gly Leu Leu
85 90 95
Val Tyr Leu Ala Gly Ala Lys Cys Thr Thr Cys Val Glu Glu Lys Asp
100 105 110
Ser Lys Ala Arg Leu Val Leu Thr Ser Gly Ile Val Phe Val Ile Ser
115 120 125

Gly Val Leu Thr Leu Ile Pro Val Cys Trp Thr Ala His Ala Ile Ile
130 135 140
Arg Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala Glu Ala Gln Lys Arg Glu Leu
145 150 155 160
Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Gly Trp Ala Ala Ser Gly Leu Leu Leu Leu
165 170 175
Gly Gly Gly Leu Leu Cys Cys Thr Cys Pro Ser Gly Gly Ser Gln Gly
180 185 190

Pro Ser His Tyr Met Ala Arg Tyr Ser Thr Ser Ala Pro Ala Ile Ser
195 200 205
Arg Gly Pro Ser Glu Tyr Pro Thr Lys Asn Tyr Val
210 215 220
<210> 165
<211> 53
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<220><223> Human CLDN6 sequence, N-terminal extracellular domain sp|P56747|
29-81

<400> 165

Met Trp Lys Val Thr Ala Phe Ile Gly Asn Ser Ile Val Val Ala Gln
1 5 10 15

Val Val Trp Glu Gly Leu Trp Met Ser Cys Val Val Gln Ser Thr Gly
20 25 30

Gln Met Gln Cys Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp
35 40 45

Leu Gln Ala Ala Arg
50

<210> 166

<211> 23

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><223> Human CLDN6 sequence, C-terminal extracellular domain sp|P56747|
138-160

<400> 166

Trp Thr Ala His Ala Ile Ile Arg Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala
1 5 10 15

Glu Ala Gln Lys Arg Glu Leu
20

<210> 167

<211> 219

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220><223> Mouse CLDN6 sequence sp|Q9Z262

<400> 167

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

Gly Trp Val Asn Ala Leu Val Ser Cys Ala Leu Pro Met Trp Lys Val
20 25 30

Thr Ala Phe Ile Gly Asn Ser Ile Val Val Ala Gln Met Val Trp Glu

35 40 45

Gly Leu Trp Met Ser Cys Val Val Gln Ser Thr Gly Gln Met Gln Cys

50 55 60

Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Gln Ala Ala

65 70 75 80

Arg Ala Leu Cys Val Val Thr Leu Leu Ile Val Leu Leu Gly Leu Leu

85 90 95

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

100 105 110

Ser Lys Ser Arg Leu Val Leu Ile Ser Gly Ile Ile Phe Val Ile Ser

115 120 125

Gly Val Leu Thr Leu Ile Pro Val Cys Trp Thr Ala His Ser Ile Ile

130 135 140

Gln Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala Asp Ala Gln Lys Arg Glu Leu

145 150 155 160

Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Gly Trp Ala Ala Ser Gly Leu Leu Leu Leu

165 170 175

Gly Gly Gly Leu Leu Cys Cys Ala Cys Ser Ser Gly Gly Thr Gln Gly

180 185 190

Pro Arg His Tyr Met Ala Cys Tyr Ser Thr Ser Val Pro His Ser Arg

195 200 205

Gly Pro Ser Glu Tyr Pro Thr Lys Asn Tyr Val

210 215

<210> 168

<211> 53

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220><223> Mouse CLDN6 sequence, N-terminal extracellular domain sp|Q9Z262|

29-81

<400> 168

Met Trp Lys Val Thr Ala Phe Ile Gly Asn Ser Ile Val Val Ala Gln

1 5 10 15

Met Val Trp Glu Gly Leu Trp Met Ser Cys Val Val Gln Ser Thr Gly

20 25 30

Gln Met Gln Cys Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp

35 40 45

Leu Gln Ala Ala Arg

50

<210> 169

<211> 26

<212> PRT

<213> Mus musculus

<220><223> Mouse CLDN6 sequence, C-terminal extracellular domain sp|Q9Z262|

138-163

<400> 169

Trp Thr Ala His Ser Ile Ile Gln Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala

1 5 10 15

Asp Ala Gln Lys Arg Glu Leu Gly Ala Ser

20 25

<210> 170

<211> 220

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<220><223> Macaca fascicularis CLDN6 sequence (predicted) tr|G7Q0B0

<400> 170

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

1 5 10 15

Gly Trp Val Asn Gly Leu Val Ser Cys Ala Leu Pro Met Trp Lys Val

20 25 30

Thr Ala Phe Ile Gly Asn Ser Ile Val Val Ala Gln Val Val Trp Glu

35 40 45

Gly Leu Trp Met Ser Cys Val Val Gln Ser Thr Gly Gln Met Gln Cys

50 55 60

Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Gln Ala Ala

65 70 75 80

Arg Ala Leu Cys Val Ile Ala Leu Leu Val Ala Leu Phe Gly Leu Leu

85 90 95

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

100 105 110

Ser Lys Ala Arg Leu Val Leu Thr Ser Gly Ile Val Phe Val Ile Ser

115 120 125

Gly Val Leu Thr Leu Ile Pro Val Cys Trp Thr Ala His Ala Ile Ile

130 135 140

Arg Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala Glu Ala Gln Lys Arg Glu Leu

145 150 155 160

Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Gly Trp Ala Ala Ser Gly Leu Leu Leu Leu

165 170 175

Gly Gly Gly Leu Leu Cys Cys Thr Cys Pro Ser Gly Gly Ser Arg Gly

180 185 190

Pro Ser His Tyr Met Ala Arg Tyr Ser Thr Ser Ala Pro Ala Ile Ser

195 200 205

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

210 215 220

<210> 171

<211> 53

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<220><223> Macaca fascicularis CLDN6 sequence, N-terminal extracellular domain (predicted) tr|G7Q0B0|29-81

<400> 171

Met Trp Lys Val Thr Ala Phe Ile Gly Asn Ser Ile Val Val Ala Gln

1 5 10 15

Val Val Trp Glu Gly Leu Trp Met Ser Cys Val Val Gln Ser Thr Gly

20 25 30

Gln Met Gln Cys Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp
35 40 45

Leu Gln Ala Ala Arg
50

<210> 172

<211> 23

<212> PRT

<213> Macaca fascicularis

<220><223> Macaca fascicularis CLDN6 sequence, C-terminal extracellular domain (predicted) tr|G7Q0B0|138-160

<400> 172

Trp Thr Ala His Ala Ile Ile Arg Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala
1 5 10 15

Glu Ala Gln Lys Arg Glu Leu
20

<210> 173

<211> 220

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220><223> cldn6

<400> 173

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

Gly Trp Val Asn Gly Leu Val Ser Cys Ala Leu Pro Met Trp Lys Val
20 25 30

Thr Ala Phe Ile Gly Asn Ser Ile Val Val Ala Gln Val Val Trp Glu
35 40 45

Gly Leu Trp Met Ser Cys Val Val Gln Ser Thr Gly Gln Met Gln Cys
50 55 60

Lys Val Tyr Asp Ser Leu Leu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Gln Ala Ala
65 70 75 80

Arg Ala Leu Cys Val Ile Ala Leu Leu Val Ala Leu Phe Gly Leu Leu
85 90 95

Val Tyr Leu Ala Gly Ala Lys Cys Thr Thr Cys Val Glu Glu Lys Asp
100 105 110

Ser Lys Ala Arg Leu Val Leu Thr Ser Gly Ile Val Phe Val Ile Ser
115 120 125
Gly Val Leu Thr Leu Ile Pro Val Cys Trp Thr Ala His Ala Ile Ile
130 135 140
Arg Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala Glu Ala Gln Lys Arg Glu Leu
145 150 155 160
Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Gly Trp Ala Ala Ser Gly Leu Leu Leu Leu
165 170 175

Gly Gly Gly Leu Leu Cys Cys Thr Cys Pro Ser Gly Gly Ser Gln Gly
180 185 190
Pro Ser His Tyr Met Ala Arg Tyr Ser Thr Ser Ala Pro Ala Ile Ser
195 200 205
Arg Gly Pro Ser Glu Tyr Pro Thr Lys Asn Tyr Val
210 215 220
<210> 174
<211> 217
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<220><223> cldn9
<400> 174
Met Ala Ser Thr Gly Leu Glu Leu Leu Gly Met Thr Leu Ala Val Leu

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

65 70 75 80

Arg Ala Leu Cys Val Ile Ala Leu Leu Leu Ala Leu Leu Gly Leu Leu

85 90 95

Val Ala Ile Thr Gly Ala Gln Cys Thr Thr Cys Val Glu Asp Glu Gly

100 105 110

Ala Lys Ala Arg Ile Val Leu Thr Ala Gly Val Ile Leu Leu Leu Ala

115 120 125

Gly Ile Leu Val Leu Ile Pro Val Cys Trp Thr Ala His Ala Ile Ile

130 135 140

Gln Asp Phe Tyr Asn Pro Leu Val Ala Glu Ala Leu Lys Arg Glu Leu

145 150 155 160

Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Leu Met Leu

165 170 175

Gly Gly Gly Leu Leu Cys Cys Thr Cys Pro Pro Pro Gln Val Glu Arg

180 185 190

Pro Arg Gly Pro Arg Leu Gly Tyr Ser Ile Pro Ser Arg Ser Gly Ala

195 200 205

Ser Gly Leu Asp Lys Arg Asp Tyr Val

210 215

<210> 175

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> mC6-30[CLDN6] Variable heavy (vh) domain

<400> 175

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Lys Gln Ser Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 176

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> mC6-30[CLDN6] vhCDR1

<400> 176

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 177

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> mC6-30[CLDN6] vhCDR2

<400> 177

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Lys

1 5 10 15

Gly

<210> 178

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> mC6-30[CLDN6] vhCDR3

<400> 178

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 179

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> mC6-30[CLDN6] Variable light (vl) domain

<400> 179

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Ser Ser Ser Phe Ser Val Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Leu Ser Ile Thr Ser Leu Gln Thr
65 70 75 80

Glu Asp Val Thr Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys
100 105

<210> 180

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> mC6-30[CLDN6] vlCDR1

<400> 180

Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 181

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><

223> mC6-30[CLDN6] vlCDR2

<400> 181

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr
1 5

<210> 182

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> mC6-30[CLDN6] vlCDR3

<400> 182

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 183

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223
> XENP34243 mC6-30 Heavy Chain

<400> 183

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445

Lys

<210> 184

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP34243 mC6-30 Light Chain

<400> 184

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 185

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1 Variable heavy (vh) domain

<400> 185

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 186

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1 vhCDR1

<400> 186

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 187

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1 vhCDR2

<400> 187

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 188

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1 vhCDR3

<400> 188

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 189

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2 Variable heavy (vh) domain

<400> 189

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 190

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2 vhCDR1

<400> 190

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 191

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2 vhCDR2
<400> 191
Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 192
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223
> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2 vhCDR3
<400> 192
Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10
<210> 193
<211> 107
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1 Variable light (vl) domain
<400> 193
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 194

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1 vlCDR1

<400> 194

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 195

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1 vlCDR2

<400> 195

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr
1 5

<210> 196

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1 vlCDR3

<400> 196

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 197

<211>

107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L2 Variable light (vl) domain

<400> 197

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

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala

65 70 75 80

Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 198

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L2 vlCDR1

<400> 198

Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 199

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L2 vlCDR2

<400> 199

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 200

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L2 vlCDR3

<400> 200

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 201

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.1 Variable heavy (vh) domain

<400> 201

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 202

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.1 vhCDR1

<400> 202

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 203

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.1 vhCDR2

<400> 203

Gly Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 204
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.1 vhCDR3
<400> 204
Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10
<210> 205
<211> 120
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.2 Variable heavy (vh) domain
<400> 205
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 206
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.2 vhCDR1
<400> 206
Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 207
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.2 vhCDR2
<400> 207
Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 208
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.2 vhCDR3

<400> 208

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 209

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.3 Variable heavy (vh) domain

<400> 209

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 210

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.3 vhCDR1

<400> 210

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 211

<
211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.3 vhCDR2

<400> 211

Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 212

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.3 vhCDR3

<400> 212

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 213

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.4 Variable heavy (vh) domain

<400> 213

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ala Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 214

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.4 vhCDR1

<400> 214

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 215

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.4 vhCDR2

<400> 215

Gly Ile Asp Ala Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 216

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.4 vhCDR3

<400> 216

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 217

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.5 Variable heavy (vh) domain

<400> 217

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Gln Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 218

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.5 vhCDR1

<400> 218

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 219

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.5 vhCDR2

<400> 219

Gly Ile Asp Pro Gln Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 220

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.5 vhCDR3

<400> 220

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 221

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.6 Variable heavy (vh) domain

<400> 221

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Ser Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 222

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.6 vhCDR1

<400> 222

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 223

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.6 vhCDR2

<400> 223

Gly Ile Asp Pro Asn Ser Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 224

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.6 vhCDR3

<400> 224

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 225

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223

> C6-30[CLDN6]_H1.7 Variable heavy (vh) domain

<400> 225

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Gln Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 226

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.7 vhCDR1

<400> 226

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 227

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.7 vhCDR2

<400> 227

Gly Ile Asp Pro Asn Gln Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 228

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.7 vhCDR3

<400> 228

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 229

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.8 Variable heavy (vh) domain

<400> 229

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Asp Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 230

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.8 vhCDR1

<400> 230

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 231

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.8 vhCDR2

<400> 231

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Asp Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 232
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.8 vhCDR3
<400> 232
Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10
<210> 233
<211> 120
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.9 Variable heavy (vh) domain
<400> 233
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 234
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.9 vhCDR1
<400> 234
Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 235
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.9 vhCDR2
<400> 235
Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 236
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.9 vhCDR3

<400> 236

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 237

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.19 Variable heavy (vh) domain

<400> 237

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 238

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.19 vhCDR1

<400> 238

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 239

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.19 vhCDR2

<400> 239

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 240

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.19 vhCDR3

<400> 240

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 241

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.22 Variable heavy (vh) domain

<400> 241

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 242

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.22 vhCDR1

<400> 242

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 243

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.22 vhCDR2

<400> 243

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 244

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.22 vhCDR3

<400> 244

Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 245

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.24 Variable heavy (vh) domain

<400> 245

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 246

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.24 vhCDR1

<400> 246

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 247

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.24 vhCDR2

<400> 247

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 248

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H1.24 vhCDR3

<400> 248

Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 249

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.1 Variable heavy (vh) domain

<400> 249

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 250

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.1 vhCDR1

<400> 250

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 251

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.1 vhCDR2

<400> 251

Gly Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 252

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.1 vhCDR3

<400> 252

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 253

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223

> C6-30[CLDN6]_H2.2 Variable heavy (vh) domain

<400> 253

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Thr Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 254

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.2 vhCDR1

<400> 254

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 255

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.2 vhCDR2

<400> 255

Gly Ile Thr Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 256

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.2 vhCDR3

<400> 256

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 257

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.3 Variable heavy (vh) domain

<400> 257

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 258

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.3 vhCDR1

<400> 258

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 259

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.3 vhCDR2

<400> 259

Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 260
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.3 vhCDR3
<400> 260
Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10
<210> 261
<211> 120
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.4 Variable heavy (vh) domain
<400> 261
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Gly Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 262
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.4 vhCDR1
<400> 262
Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 263
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.4 vhCDR2
<400> 263
Gly Ile Asp Gly Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 264
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.4 vhCDR3

<400> 264

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 265

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.5 Variable heavy (vh) domain

<400> 265

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Gln Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 266

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.5 vhCDR1

<400> 266

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 267

<

211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.5 vhCDR2

<400> 267

Gly Ile Asp Pro Gln Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 268

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.5 vhCDR3

<400> 268

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 269

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.6 Variable heavy (vh) domain

<400> 269

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asp Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 270

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.6 vhCDR1

<400> 270

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 271

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.6 vhCDR2

<400> 271

Gly Ile Asp Pro Asn Asp Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15

Gly

<210> 272

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.6 vhCDR3

<400> 272

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 273

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.7 Variable heavy (vh) domain

<400> 273

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Gln Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 274

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.7 vhCDR1

<400> 274

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 275

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.7 vhCDR2

<400> 275

Gly Ile Asp Pro Asn Gln Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 276

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.7 vhCDR3

<400> 276

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 277

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.8 Variable heavy (vh) domain

<400> 277

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Asp Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 278

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.8 vhCDR1

<400> 278

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 279

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.8 vhCDR2

<400> 279

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Asp Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 280

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.8 vhCDR3

<400> 280

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 281

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223

> C6-30[CLDN6]_H2.9 Variable heavy (vh) domain

<400> 281

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 282

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.9 vhCDR1

<400> 282

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 283

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.9 vhCDR2

<400> 283

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 284

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.9 vhCDR3

<400> 284

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 285

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.11 Variable heavy (vh) domain

<400> 285

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 286

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.11 vhCDR1

<400> 286

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 287

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.11 vhCDR2

<400> 287

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 288
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220
><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.11 vhCDR3
<400> 288
Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10
<210> 289
<211> 120
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.12 Variable heavy (vh) domain
<400> 289
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Asp Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 290
<211> 5
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.12 vhCDR1
<400> 290
Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 291
<211> 17
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.12 vhCDR2
<400> 291
Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 292
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.12 vhCDR3

<400> 292

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 293

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.71 Variable heavy (vh) domain

<400> 293

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Leu Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 294

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.71 vhCDR1

<400> 294

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 295

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.71 vhCDR2

<400> 295

Gly Ile Asp Leu Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln
1 5 10 15
Gly

<210> 296

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.71 vhCDR3

<400> 296

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 297

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.75 Variable heavy (vh) domain

<400> 297

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro His Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser
115 120

<210> 298

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.75 vhCDR1

<400> 298

Glu Tyr Thr Met His
1 5

<210> 299

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.75 vhCDR2

<400> 299

Gly Ile Asp Pro His Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 300

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.75 vhCDR3

<400> 300

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 301

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.90 Variable heavy (vh) domain

<400> 301

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Leu Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 302

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.90 vhCDR1

<400> 302

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 303

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.90 vhCDR2

<400> 303

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Leu Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 304

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.90 vhCDR3

<400> 304

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10

<210> 305

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.91 Variable heavy (vh) domain

<400> 305

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 306

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.91 vhCDR1

<400> 306

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 307

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.91 vhCDR2

<400> 307

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 308

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.91 vhCDR3

<400> 308

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 309

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223

> C6-30[CLDN6]_H2.118 Variable heavy (vh) domain

<400> 309

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Lys

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 310

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.118 vhCDR1

<400> 310

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 311

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.118 vhCDR2

<400> 311

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Lys Gln

1 5 10 15

Gly

<210> 312

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.118 vhCDR3

<400> 312

Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe

1 5 10

<210> 313

<211> 120

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.119 Variable heavy (vh) domain

<400> 313

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Glu Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser

115 120

<210> 314

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.119 vhCDR1

<400> 314

Glu Tyr Thr Met His

1 5

<210> 315

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.119 vhCDR2

<400> 315

Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe Glu
1 5 10 15
Gly

<210> 316
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<
220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_H2.119 vhCDR3
<400> 316
Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe
1 5 10
<210> 317
<211> 107
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.1 Variable light (vl) domain
<400> 317
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 318
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.1 vlCDR1
<400> 318
Gln Ala Ser Gln Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 319
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.1 vlCDR2
<400> 319
Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr
1 5

<210> 320
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.1 vlCDR3
<400> 320
Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 321

<

211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.4 Variable light (vl) domain

<400> 321

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Val Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 322

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.4 vlCDR1

<400> 322

Gln Ala Ser Glu Asp Val Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 323

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.4 vlCDR2

<400> 323

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 324

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.4 vlCDR3

<400> 324

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 325

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.7 Variable light (vl) domain

<400> 325

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 326

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.7 vlCDR1

<400> 326

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Ser Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 327

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.7 vlCDR2

<400> 327

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 328

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.7 vlCDR3

<400> 328

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 329

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.16 Variable light (vl) domain

<400> 329

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

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 330

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.16 vlCDR1

<400> 330

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 331

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<

220><223> C6-30[CLDN6]_L1.16 vlCDR2

<400> 331

Ala Ala Thr Ser Leu Glu Thr
1 5

<210> 332

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.16 vlCDR3

<400> 332

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr
1 5

<210> 333

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.18 Variable light (vl) domain

<400> 333

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Thr Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 334

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.18 vlCDR1

<400> 334

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 335

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.18 vlCDR2

<400> 335

Gly Thr Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 336

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.18 vlCDR3

<400> 336

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 337

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.19 Variable light (vl) domain

<400> 337

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Ser Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 338

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.19 vlCDR1

<400> 338

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 339

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.19 vlCDR2

<400> 339

Gly Ala Ser Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 340

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.19 vlCDR3

<400> 340

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 341

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.21 Variable light (vl) domain

<400> 341

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 342

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.21 vlCDR1

<400> 342

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 343

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.21 vlCDR2

<400> 343

Gly Ala Thr Asn Leu Glu Thr

1 5

<210>

344

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.21 vlCDR3

<400> 344

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 345

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.22 Variable light (vl) domain

<400> 345

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Gln Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 346

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.22 vlCDR1

<400> 346

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 347

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.22 vlCDR2

<400> 347

Gly Ala Thr Gln Leu Glu Thr

1 5

<210> 348

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.22 vlCDR3

<400> 348

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 349

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.23 Variable light (vl) domain

<400> 349

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

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 350

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.23 vlCDR1

<400> 350

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 351

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<

220><223> C6-30[CLDN6]_L1.23 vlCDR2

<400> 351

Gly Ala Thr Ser Arg Glu Thr

1 5

<210> 352

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.23 vlCDR3

<400> 352

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 353

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.27 Variable light (vl) domain

<400> 353

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 354

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.27 vlCDR1

<400> 354

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 355

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.27 vlCDR2

<400> 355

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Ser

1 5

<210> 356

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.27 vlCDR3

<400> 356

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 357

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.60 Variable light (vl) domain

<400> 357

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 358

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.60 vlCDR1

<400> 358

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 359

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223

> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.60 vlCDR2

<400> 359

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 360

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.60 vlCDR3

<400> 360

Gln Gln Leu Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 361

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><

223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.107 Variable light (vl) domain

<400> 361

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Val Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu
85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 362

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.107 vlCDR1

<400> 362

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Val Asn Arg Leu Ala
1 5 10

<210> 363

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.107 vlCDR2
<400> 363
Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr
1 5
<210
> 364
<211> 9
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.107 vlCDR3
<400> 364
Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr
1 5
<210> 365
<211> 107
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.114 Variable light (vl) domain
<400> 365
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

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

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 366

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.114 vlCDR1

<400> 366

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Leu Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 367

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.114 vlCDR2

<400> 367

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 368

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.114 vlCDR3

<400> 368

Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro Leu Thr

1 5

<210> 369

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.187 Variable light (vl) domain

<400> 369

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

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

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys
100 105

<210> 370

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.187 vlCDR1

<400> 370

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 371

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.187 vlCDR2

<400> 371

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 372

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.187 vlCDR3

<400> 372

Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro Leu Thr

1 5

<210> 373

<211> 107

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.189 Variable light (vl) domain

<400> 373

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro Leu

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Val Glu Ile Lys

100 105

<210> 374

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.189 vlCDR1

<400> 374

Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg Leu Ala

1 5 10

<210> 375

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.189 vlCDR2

<400> 375

Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr

1 5

<210> 376

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><223> C6-30[CLDN6]_L1.189 vlCDR3

<400> 376

Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro Leu Thr
1 5

<210> 377

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP34218 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1

<400> 377

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 378
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP34218 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 378
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 379
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP34219 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1
<400> 379
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

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

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

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

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

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

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

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 380

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP34219 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L2

<400> 380

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

1 5 10 15

Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala

65 70 75 80

Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 381

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP34220 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 381

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 382

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP34220 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 382

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 383

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP34221 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 383

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

180 185 190

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

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

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Lys

<210> 384
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP34221 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L2
<400> 384
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Asp Ser Leu Ala Val Ser Leu Gly
1 5 10 15
Glu Arg Ala Thr Ile Asn Cys Lys Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Ala
65 70 75 80
Glu Asp Val Ala Val Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 385

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35044 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 385

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

435 440 445

Lys

<210> 386
<211> 209
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35044 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.1
<400> 386
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Gln Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

<210> 387
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<220><223> XENP35047 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2
<400> 387
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 388

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35047 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.4

<400> 388

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Val Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 389
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> XENP35050 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 389

```
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1               5                  10                  15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
            20                  25                  30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
            100                 105                 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
    210                 215                 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
```

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

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

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

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

<210> 390
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35050 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.7

<400> 390

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Ser Arg

20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 391
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35059 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2
<400> 391

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 392

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35059 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.16

<400> 392

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Ala Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 393
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35061 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2
<400> 393

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

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

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

340 345 350

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

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

<210> 394
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35061 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.18
<400> 394
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

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

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 395

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35062 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 395

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 396

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35062 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.19

<400> 396

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

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 397

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35064 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 397

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 398

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35064 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.21

<400> 398

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Asn Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 399

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35065 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 399

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 400
<211> 214
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35065 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.22
<400> 400
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Gln Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 401
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35066 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 401
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 402

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35066 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.23

<400> 402

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 403

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35070 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 403

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

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

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

435 440 445
Lys

<210> 404
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35070 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.27
<400> 404
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Ser Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 405

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35085 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.1

<400> 405

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

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

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

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

<210> 406
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35085 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 406

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 407
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35086 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.2
<400> 407

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 408

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35086 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 408

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 409
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35087 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.3
<400> 409
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

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

340 345 350

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

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

<210> 410
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35087 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 410
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

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

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 411

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35088 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.4

<400> 411

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ala Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 412

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35088 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 412

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

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 413

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35089 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.5

<400> 413

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Gln Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 414

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35089 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 414

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 415

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35090 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.6

<400> 415

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Ser Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 416
<211> 214
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35090 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 416
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 417
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35091 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.7

<400> 417
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Gln Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 418

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35091 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 418

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 419

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35092 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.8

<400> 419

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Asp Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

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

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

435 440 445
Lys

<210> 420
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35092 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 420
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 421
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35093 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.9

<400> 421

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

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

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

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

<210> 422
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35093 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 422

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 423
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35094 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.1
<400> 423

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Ser Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 424

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35094 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 424

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 425
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35095 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.2
<400> 425
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

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

340 345 350

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

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

<210> 426
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35095 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 426
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

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

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 427

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35096 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.3

<400> 427

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 428

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35096 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 428

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

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 429

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35097 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.4

<400> 429

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Gly Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 430

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35097 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 430

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 431

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35098 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.5

<400> 431

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Gln Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 432
<211> 214
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35098 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 432
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 433
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35099 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.6

<400> 433
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asp Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 434

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35099 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 434

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 435

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35100 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.7

<400> 435

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

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Gln Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

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

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

435 440 445
Lys

<210> 436
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35100 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 436
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 437
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35101 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.8

<400> 437

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

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Asp Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

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

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

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

<210> 438
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35101 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 438

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 439
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35102 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.9
<400> 439

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 440

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35102 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 440

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

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

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

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 441
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35865 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2
<400> 441
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

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

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

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

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

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

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

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

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

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

340 345 350

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

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

<210> 442
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35865 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.60
<400> 442
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

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

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

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Leu Trp Ser Ser Pro 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> 443

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35883 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.19

<400> 443

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

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

435 440 445

Lys

<210> 444

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35883 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 444

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

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 445

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35886 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.22

<400> 445

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

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

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

Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 446

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35886 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 446

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

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

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

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 447

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35888 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.24

<400> 447

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

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 448
<211> 214
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35888 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 448
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 449
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35890 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.11

<400> 449
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

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

340 345 350

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

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 450

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35890 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 450

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 451

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35891 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.12

<400> 451

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Asp Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445
Lys

<210> 452
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35891 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 452
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 453
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35979 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 453

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 454
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35979 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187

<400> 454

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 455
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35981 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2
<400> 455

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 456

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35981 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 456

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 457
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP35929 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2
<400> 457
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 458
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35929 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.107
<400> 458
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Val Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 459

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35936 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 459

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 460

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35936 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.114

<400> 460

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Leu Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 461

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36021 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.71

<400> 461

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Leu Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 462

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36021 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 462

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 463

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36022 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.72

<400> 463

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ala Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 464
<211> 214
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36022 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 464
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 465
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36025 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.75

<400> 465
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro His Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 466

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36025 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 466

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 467

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36040 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.90

<400> 467

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Leu Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445
Lys

<210> 468
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36040 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 468
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 469
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36041 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.91

<400> 469

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 470
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36041 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 470

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 471
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36065 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.118
<400> 471

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Lys
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 472

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36065 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 472

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 473
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36066 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.119
<400> 473
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Glu Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 474
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36066 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 474
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 475

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36956 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.22

<400> 475

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 476

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36956 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187

<400> 476

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 477

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36960 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.22

<400> 477

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 478

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36960 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 478

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 479

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36968 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.3

<400> 479

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 480
<211> 214
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36968 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189
<400> 480
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 481
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36963 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.9

<400> 481
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 482

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36963 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 482

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 483

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36964 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.3

<400> 483

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Ser Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445
Lys

<210> 484
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36964 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187
<400> 484
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 485
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36965 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.12

<400> 485

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Asp Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 486
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36965 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187

<400> 486

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 487
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36957 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.24
<400> 487

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 488

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36957 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187

<400> 488

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 489
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36958 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.19
<400> 489
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 490
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36958 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187
<400> 490
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 491

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36959 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.9

<400> 491

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 492

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36959 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187

<400> 492

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 493

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36961 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.24

<400> 493

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 494

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36961 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 494

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 495

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36962 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1.19

<400> 495

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 496
<211> 214
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36962 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189
<400> 496
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 497
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36966 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.91

<400> 497
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 498

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36966 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187

<400> 498

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 499

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36967 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.118

<400> 499

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Lys

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445
Lys

<210> 500
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36967 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187
<400> 500
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 501
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36969 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.12

<400> 501

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Asp Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 502
<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36969 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 502

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 503
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36970 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.91
<400> 503

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 504

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36970 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 504

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 505
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP36972 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1
<400> 505
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 506
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP36972 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.187
<400> 506
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 507

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36971 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H2.118

<400> 507

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Lys

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 508

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36971 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 508

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 509

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP36973 Heavy Chain - C6-30[CLDN6]_H1

<400> 509

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 510

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP36973 Light Chain - C6-30[CLDN6]_L1.189

<400> 510

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 511

<211> 446

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP26863 Heavy Chain - mAb206-LCC[CLDN6]_H0

<400> 511

Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Met Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Tyr

20 25 30

Thr Met Asn Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Asn Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Leu Ile Asn Pro Tyr Asn Gly Gly Thr Ile Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Leu Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Asp Tyr Gly Phe Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Leu 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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro

245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val

260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr

275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val

290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys

305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser

325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro

340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val

355 360 365

Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly

370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp

385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp
405 410 415
Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His
420 425 430
Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
435 440 445

<210> 512
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP26863 Light Chain - mAb206-LCC[CLDN6]_L0

<400> 512
Gln Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ile Met Ser Ala Ser Pro Gly
1 5 10 15
Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Ser Tyr Leu
20 25 30
His Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Thr Ser Pro Lys Leu Trp Val Tyr
35 40 45

Ser Thr Ser Asn Leu Pro Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Gly Gly Ser
50 55 60
Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Arg Met Glu Ala Glu
65 70 75 80
Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Ile Tyr Pro Pro Trp
85 90 95
Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu 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> 513
<211> 446
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP26849 Chain 1 - mAb206-LCC[CLDN6]_HO_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_/PVA_/S267K/L368D/K370S
<400> 513
Glu Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Met Lys Ile Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Tyr
20 25 30
Thr Met Asn Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Asn Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Leu Ile Asn Pro Tyr Asn Gly Gly Thr Ile Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Leu Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Asp Tyr Gly Phe Val Leu Asp Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Thr

100 105 110

Leu 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 Asp

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 Pro Val Ala Gly Pro Ser Val Phe

225 230 235 240

Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro

245 250 255

Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp Pro Glu Val

260 265 270

Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr

275 280 285

Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val

290 295 300

Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys

305 310 315 320

Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser

325 330 335

Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro

340 345 350

Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Asp Val

355 360 365

Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asp Gly

370 375 380

Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp

385 390 395 400

Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp

405 410 415

Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His

420 425 430

Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys

435 440 445

<210> 514

<211> 485

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP26849 Chain 2 - [ANTI-CD3]_H1.30_L1.47_scFv(GKPGS)4_Fc(216)

_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 514

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Lys Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly

130 135 140

Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly

145 150 155 160

Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr

165 170 175

Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg

180 185 190

Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg

195 200 205

Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly

210 215 220

Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser

225 230 235 240

Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Glu Pro

245 250 255

Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro

260 265 270

Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

275 280 285

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

290 295 300

Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

305 310 315 320

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

325 330 335

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

340 345 350

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

355 360 365

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

370 375 380

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln

385 390 395 400

Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

405 410 415

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

420 425 430

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

435 440 445

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

450 455 460

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

465 470 475 480

Leu Ser Pro Gly Lys

485

<210> 515

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP26849 Chain 3 - mAb206-LCC[CLDN6]_L0

<400> 515

Gln Ile Val Leu Thr Gln Ser Pro Ala Ile Met Ser Ala Ser Pro Gly

1 5 10 15

Glu Lys Val Thr Ile Thr Cys Ser Ala Ser Ser Ser Val Ser Tyr Leu

20 25 30

His Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Thr Ser Pro Lys Leu Trp Val Tyr

35 40 45

Ser Thr Ser Asn Leu Pro Ser Gly Val Pro Ala Arg Phe Gly Gly Ser

50 55 60

Gly Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Leu Thr Ile Ser Arg Met Glu Ala Glu

65 70 75 80

Asp Ala Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Arg Ser Ile Tyr Pro Pro Trp

85 90 95

Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu 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> 516

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP34229 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)
_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 516

```
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1               5                  10                  15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
            20                  25                  30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
        35                  40                  45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
    50                  55                  60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
                85                  90                  95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
            100                 105                 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
        115                 120                 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
    130                 135                 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145                 150                 155                 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
                165                 170                 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
            180                 185                 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
        195                 200                 205
Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
```

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380
Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 517

<211> 485

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> XENP34229 Chain 2 - [ANTI-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4_Fc(216)
_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 517

Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30

Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45

Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60

Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95

His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro
100 105 110

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
115 120 125

Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
130 135 140

Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145 150 155 160

Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
165 170 175

Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala

180 185 190

Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
195 200 205
Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
210 215 220
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp
225 230 235 240
Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Glu Pro
245 250 255

Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro
260 265 270
Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
275 280 285
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
290 295 300
Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
305 310 315 320

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
325 330 335
Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
340 345 350
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
355 360 365
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
370 375 380

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln
385 390 395 400
Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
405 410 415
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
420 425 430

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
435 440 445

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
450 455 460
Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
465 470 475 480
Leu Ser Pro Gly Lys
485

<210> 518
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP34229 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 518

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 519
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP34637 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H2_L1_IgG1_pI(-)_Isosteric_A
PVA/S267K/L368D/K370S
<400> 519
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 520

<211> 485

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP34637 Chain 2 - [ANTI-CD3]_H1.30_L1.47_scFv(GKPGS)4_Fc(216)

_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 520

Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly

1 5 10 15

Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr

20 25 30

Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val

35 40 45

Gly Arg Ile Arg Ser Lys Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp

50 55 60

Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr

65 70 75 80

Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr

85 90 95

Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe

100 105 110

Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Lys Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly

130 135 140

Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly

145 150 155 160

Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr

165 170 175

Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg

180 185 190

Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg

195 200 205

Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly

210 215 220

Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser

225 230 235 240

Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Glu Pro

245 250 255

Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro

260 265 270

Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

275 280 285

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

290 295 300

Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

305 310 315 320

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

325 330 335

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

340 345 350

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

355 360 365

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

370 375 380

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln

385 390 395 400

Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

405 410 415

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

420 425 430

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

435 440 445

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

450 455 460

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

465 470 475 480

Leu Ser Pro Gly Lys

485

<210

> 521

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> XENP34637 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 521

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 522

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> XENP35385 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)
_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 522

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 523
<211> 485
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35385 Chain 2 - [ANTI-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_Fc(216)
_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q
<400> 523
Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1 5 10 15

Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
20 25 30
Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
35 40 45
Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe
50 55 60
Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65 70 75 80

Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
85 90 95
His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro
100 105 110
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
115 120 125
Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly

130 135 140

Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145 150 155 160
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
165 170 175
Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala
180 185 190
Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
195 200 205

Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
210 215 220
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp
225 230 235 240
Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Glu Pro
245 250 255
Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro
260 265 270

Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr
275 280 285
Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val
290 295 300
Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val
305 310 315 320
Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser
325 330 335

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu
340 345 350
Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala
355 360 365
Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro
370 375 380

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln
385 390 395 400

Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala
405 410 415
Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr
420 425 430
Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu
435 440 445
Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser
450 455 460

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser
465 470 475 480
Leu Ser Pro Gly Lys
485

<210> 524
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35385 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_L1
<400> 524
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 525
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35387 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H2_IgG1_PVA_/S267K IgG1_pI(-)
_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
<400> 525
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 526

<211> 485

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35387 Chain 2 - [ANTI-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_Fc(216)

_IgG1_C220S/PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 526

```
Gln Ala Val Val Thr Gln Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly
1               5                  10                  15
Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser
            20                  25                  30
Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly
        35                  40                  45
Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe

    50                  55                  60
Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala
65                  70                  75                  80
Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn
                85                  90                  95
His Trp Val Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro
            100                 105                 110
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly

        115                 120                 125
Ser Glu Val Gln Leu Val Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly
    130                 135                 140
Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr
145                 150                 155                 160
Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp
                165                 170                 175
Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala

            180                 185                 190
Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn
        195                 200                 205
Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val
    210                 215                 220
Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp
225                 230                 235                 240
```

Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Glu Pro

245 250 255

Lys Ser Ser Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro

260 265 270

Val Ala Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr

275 280 285

Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val

290 295 300

Lys His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val

305 310 315 320

Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser

325 330 335

Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu

340 345 350

Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala

355 360 365

Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro

370 375 380

Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln

385 390 395 400

Val Lys Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala

405 410 415

Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr

420 425 430

Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu

435 440 445

Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser

450 455 460

Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser

465 470 475 480

Leu Ser Pro Gly Lys

485

<210> 527

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35387 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_L1

<400> 527

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 528

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP34233 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 528

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 529

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP34233 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1_Fab_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47_H1.30_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 529

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270
Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300
Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 530

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP34233 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1

<400> 530

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 531

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP34638 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H2_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA

_/S267K/L368D/K370S

<400> 531

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 532

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> XENP34638 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H2_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47_H1.30
scFv(GKPGS)4(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 532

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly

210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270
Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300
Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365
Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430
Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445
Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495
Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
580 585 590
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
610 615 620
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu
625 630 635 640
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
645 650 655
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
675 680 685
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
690 695 700
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 533

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP34638 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 533

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 534

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35386 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 534

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 535

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35386 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1_L1_Fab_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 535

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly

210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu

225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln

260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys

275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp

305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly

325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser

340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys

370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys

405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn

435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
595 600 605
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu
625 630 635 640
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
645 650 655
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
660 665 670
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
690 695 700
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
705 710 715 720
Gly Lys

<210> 536
<211> 214
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35386 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1

<400> 536
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30
Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 537
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP35388 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H2_IgG1_pI(-)_Isosteric
_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
<400> 537
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445

Lys

<210> 538

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP35388 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H2_L1_Fab_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 538

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 539

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP35388 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H2

<400> 539

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ser Pro 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> 540
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP37227 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
<400> 540
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 541
<211> 722
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<220><223> XENP37227 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47
_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
<400> 541
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270
Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285
Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415
Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445
Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460
Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
580 585 590
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 542

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37227 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.9

<400> 542

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 543

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37228 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.19_IgG1_pI(-)_Isosteric

_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 543

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445

Lys

<210> 544

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37228 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.19_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 544

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Thr Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 545

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37228 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.19

<400> 545

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 546
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP37229 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.22_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
<400> 546
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 547
<211> 722
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<220><223> XENP37229 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.22_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47
_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
<400> 547
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270
Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285
Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415
Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445
Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460
Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
580 585 590
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 548

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37229 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.22

<400> 548

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 549

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37230 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.22_IgG1_pI(-)_Isosteric

_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 549

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445

Lys

<210> 550

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37230 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.22_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 550

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Leu Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 551

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37230 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.22

<400> 551

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 552
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP37231 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.24_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
<400> 552
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 553
<211> 722
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<220><223> XENP37231 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.24_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47
_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
<400> 553
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270
Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285
Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415
Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445
Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460
Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
580 585 590
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 554

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37231 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.24

<400> 554

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 555

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37232 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.24_IgG1_pI(-)_Isosteric

_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 555

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445

Lys

<210> 556

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37232 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.24_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 556

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 557

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37232 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.24

<400> 557

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Gly Pro 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> 558
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><223> XENP37233 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H2.91_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S
<400> 558
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255
Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu
420 425 430
Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445
Lys

<210> 559
<211> 722
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<220><223> XENP37233 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H2.91_(G4S)2_[ANTI-CD3]_L1.47
_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q
<400> 559
Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15
Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270
Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285
Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335
Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400
Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415
Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445
Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460
Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525
Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
580 585 590
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His

690 695 700

Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 560

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37233 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H2.91

<400> 560

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 561

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37547 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H2.91_IgG1_pI(-)_Isosteric

_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 561

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60
Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His Glu
420 425 430

Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445

Lys

<210> 562

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37547 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H2.91_(G4S)2_[anti-CD3]_L1.47_
H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA
_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

<400> 562

Glu Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Glu
1 5 10 15

Ser Leu Arg Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Met Pro Gly Lys Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Phe Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly His Val Thr Ile Ser Val Asp Lys Ser Ile Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Leu Gln Trp Ser Ser Leu Lys Ala Ser Asp Thr Ala Met Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly

210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu

225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln

260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys

275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp

305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly

325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser

340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys

370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys

405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn

435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His

690 695 700

Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 563

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37547 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H2.91

<400> 563

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 564

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37545 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.24_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 564

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp

210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro

225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His Glu

420 425 430

Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 565

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37545 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.24_(G4S)2_[anti-CD3]_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

<400> 565

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Gly Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Leu Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125
Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190
Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270
Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300
Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His

690 695 700

Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 566

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37545 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.24

<400> 566

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 567

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37541 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_Isosteric_A

PVA/S267K/L368D/K370S

<400> 567

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15
Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30
Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45
Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr
355 360 365
Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu
370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu
385 390 395 400
Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys
405 410 415
Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His Glu
420 425 430
Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly
435 440 445

Lys

<210> 568
<211> 722
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<220><223> XENP37541 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[anti-CD3]_L1.47_H1.
32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L
/N434S

<400> 568

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly

210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu

225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln

260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys

275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp

305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly

325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser

340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys

370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys

405 410 415

Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn

435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

450 455 460

Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys

580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605

Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr

610 615 620

Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu

625 630 635 640

Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp

645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670

Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp

675 680 685

Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His

690 695 700

Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 569

<211> 214

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37541 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.9

<400> 569

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 570

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37630 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_Isosteric

_A_PVA_/S267K/L368D/K370S

<400> 570

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140
Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160
Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175
Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205
Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220
Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240
Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser
245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp
260 265 270
Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn
275 280 285
Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val
290 295 300
Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys
325 330 335
Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr
340 345 350
Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Met His Glu

420 425 430

Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 571

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><223> XENP37630 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[anti-CD3]_L1.47_H1.

89_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 571

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met

35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala

100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val

115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala

130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser

145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val

165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro

180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly

210 215 220

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu

225 230 235 240

Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly

245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln

260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys

275 280 285

Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly

290 295 300

Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp

305 310 315 320

Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly

325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser

340 345 350

Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu

355 360 365

Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys

370 375 380

Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg

385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys

405 410 415

Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe

420 425 430

Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn

435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly

450 455 460

Asn Phe Gly Asp Glu Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly

465 470 475 480

Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly

485 490 495

Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly

500 505 510

Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile

515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu

530 535 540

Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His

545 550 555 560

Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg

565 570 575

Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
580 585 590
Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu

595 600 605
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
610 615 620
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu
625 630 635 640
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
645 650 655
Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val

660 665 670
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
675 680 685
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met His
690 695 700
Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro
705 710 715 720
Gly Lys

<210> 572
<211> 214
<212
> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP37630 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.9
<400> 572
Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly
1 5 10 15
Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg
20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly
50 55 60
Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro
65 70 75 80
Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 573
<211> 449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<220><223> XENP37634 Chain 1 - C6-30[CLDN6]_H1.9_IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA

_/S267K/L368D/K370S/M428L/N434S

<400> 573

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys
195 200 205

Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp
210 215 220

Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser

245 250 255

Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu Asp

260 265 270

Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His Asn

275 280 285

Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val

290 295 300

Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu

305 310 315 320

Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys

325 330 335

Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr

340 345 350

Leu Pro Pro Ser Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr

355 360 365

Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu

370 375 380

Ser Asp Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu

385 390 395 400

Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys

405 410 415

Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His Glu

420 425 430

Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly

435 440 445

Lys

<210> 574

<211> 722

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37634 Chain 2 - C6-30[CLDN6]_H1.9_(G4S)2_[anti-CD3]_L1.47_H1.89_scFv(GKPGS)4_(G4S)2_Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q/M428L/N434S

<400> 574

Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Ala Glu Val Lys Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Val Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Gln Ser Leu Glu Trp Met
35 40 45

Gly Gly Ile Asp Pro Asn Asn Ala Asn Thr His Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Gln Gly Arg Val Thr Ile Thr Val Asp Lys Ser Ala Ser Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu Ser Ser Leu Arg Ser Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Ile Tyr Tyr Phe Gly Arg Leu Tyr Phe Asp Phe Trp Gly Ala
100 105 110

Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val
115 120 125

Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala
130 135 140

Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val Ser
145 150 155 160

Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala Val
165 170 175

Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val Pro
180 185 190

Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His Lys

195 200 205

Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys Gly
210 215 220
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln Glu
225 230 235 240
Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys Gly
245 250 255
Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val Gln
260 265 270

Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn Lys
275 280 285
Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly Gly
290 295 300
Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala Asp
305 310 315 320
Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly Gly
325 330 335

Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
340 345 350
Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val Glu
355 360 365
Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser Cys
370 375 380
Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val Arg
385 390 395 400

Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser Lys
405 410 415
Tyr Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg Phe
420 425 430
Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn
435 440 445

Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His Gly
450 455 460

Asn Phe Gly Asp Glu Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln Gly
465 470 475 480
Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly
485 490 495
Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala Gly
500 505 510
Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met Ile
515 520 525

Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His Glu
530 535 540
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
545 550 555 560
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg
565 570 575
Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly Lys
580 585 590

Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile Glu
595 600 605
Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val Tyr
610 615 620
Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys Leu
625 630 635 640
Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
645 650 655

Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro Val
660 665 670
Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val Asp
675 680 685
Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Leu His

690 695 700

Glu Ala Leu His Ser His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser Pro

705 710 715 720

Gly Lys

<210> 575

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37634 Chain 3 - C6-30[CLDN6]_H1.9

<400> 575

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ala Ser Val Gly

1 5 10 15

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Gln Ala Ser Glu Asp Ile Tyr Asn Arg

20 25 30

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Val Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Ser Leu Glu Thr Gly Val Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Lys Asp Tyr Thr Phe Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

Glu Asp Ile Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Trp Ser Ala Pro 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> 576

<211> 723

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37217 Chain 1-_ Comp_CH02[CLDN6]_H0_Fab_(G4S)2_SP34_L1.47_H1.32_scFv(GKPGS)4_(G4S)2 -Fc(222)_IgG1_PVA_/S267K/S364K/E357Q

<400> 576

Glu Val Gln Val Glu Gln Ser Gly Leu Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asn Thr Arg Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Arg Thr Ala Tyr

65 70 75 80

Met Glu Leu His Thr Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys

85 90 95

Ala Arg Cys Gly Asp Tyr Asp Leu Phe Phe Phe Phe Ala Tyr Trp Gly

100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125
Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190
Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gln Ala Val Val Thr Gln
225 230 235 240

Glu Pro Ser Leu Thr Val Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr Leu Thr Cys
245 250 255
Gly Ser Ser Thr Gly Ala Val Thr Thr Ser Asn Tyr Ala Asn Trp Val
260 265 270
Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ser Pro Arg Gly Leu Ile Gly Gly Thr Asn
275 280 285
Lys Arg Ala Pro Gly Val Pro Ala Arg Phe Ser Gly Ser Leu Leu Gly
290 295 300

Gly Lys Ala Ala Leu Thr Ile Ser Gly Ala Gln Pro Glu Asp Glu Ala
305 310 315 320
Asp Tyr Tyr Cys Ala Leu Trp Tyr Ser Asn His Trp Val Phe Gly Gly
325 330 335
Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly
340 345 350

Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Glu Val Gln Leu Val
355 360 365

Glu Ser Gly Gly Gly Leu Val Gln Pro Gly Gly Ser Leu Arg Leu Ser
370 375 380
Cys Ala Ala Ser Gly Phe Thr Phe Ser Thr Tyr Ala Met Asn Trp Val
385 390 395 400
Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val Gly Arg Ile Arg Ser
405 410 415
Lys Ala Asn Asn Tyr Ala Thr Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Lys Gly Arg
420 425 430

Phe Thr Ile Ser Arg Asp Asp Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met
435 440 445
Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Val Arg His
450 455 460
Gly Asn Phe Gly Asp Ser Tyr Val Ser Trp Phe Ala Tyr Trp Gly Gln
465 470 475 480
Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
485 490 495

Gly Ser Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala
500 505 510
Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro Lys Asp Thr Leu Met
515 520 525
Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val Val Asp Val Lys His
530 535 540
Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val
545 550 555 560

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Asn Ser Thr Tyr
565 570 575
Arg Val Val Ser Val Leu Thr Val Leu His Gln Asp Trp Leu Asn Gly
580 585 590
Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala Leu Pro Ala Pro Ile

595 600 605

Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro Arg Glu Pro Gln Val

610 615 620

Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Glu Gln Met Thr Lys Asn Gln Val Lys

625 630 635 640

Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu

645 650 655

Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr Lys Thr Thr Pro Pro

660 665 670

Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val

675 680 685

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met

690 695 700

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys Ser Leu Ser Leu Ser

705 710 715 720

Pro Gly Lys

<210> 577

<211> 450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37217_Comp_CHO2[CLDN6]_HO_Fab -IgG1_pI(-)_Isosteric_A_PVA_S267KL368DK370S

<400> 577

Glu Val Gln Val Glu Gln Ser Gly Leu Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala

1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr

20 25 30

Thr Met His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile

35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asn Thr Arg Tyr Asn Gln Lys Phe
50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Arg Thr Ala Tyr
65 70 75 80
Met Glu Leu His Thr Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
Ala Arg Cys Gly Asp Tyr Asp Leu Phe Phe Phe Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110
Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser
115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140
Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160
Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175
Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val
180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205
Lys Pro Ser Asp Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220
Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Pro Val Ala 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 Lys His Glu
260 265 270
Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val His
275 280 285
Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Glu Tyr 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 Ala Leu Pro Ala Pro 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 Arg Glu Glu Met Thr Lys Asn Gln Val Ser Leu
355 360 365

Thr Cys Asp Val Ser Gly Phe Tyr Pro Ser Asp Ile Ala Val Glu Trp
370 375 380

Glu Ser Asp 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 Lys Leu Thr Val Asp
405 410 415

Lys Ser Arg Trp Glu Gln Gly Asp 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 Pro
435 440 445

Gly Lys
450

<210> 578

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP37217_Comp_CH02[CLDN6]_LO_Light Chain

<400> 578

Asp Ile Val Met Thr Gln Phe Gln Lys Phe Met Ser Thr Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Ser Val Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Asn

20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Glu Ala Leu Ile

35 40 45

Ser Ser Ala Ser Ser Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly

50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Thr Asn Val Gln Ser

65 70 75 80

Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Phe Pro Phe

85 90 95

Thr Phe Gly Ser Gly Thr Glu Leu 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> 579

<211> 449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP38084 Chain 1-_Comp_CH02[CLDN6]_H0_Heavy Chain

<400> 579

Glu Val Gln Val Glu Gln Ser Gly Leu Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala
1 5 10 15

Ser Val Lys Ile Ser Cys Lys Thr Ser Gly Tyr Thr Phe Thr Glu Tyr
20 25 30

Thr Met His Trp Val Lys Gln Ser His Gly Lys Ser Leu Glu Trp Ile
35 40 45

Gly Gly Ile Asn Pro Asn Asn Gly Asn Thr Arg Tyr Asn Gln Lys Phe

50 55 60

Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Val Asp Lys Ser Ser Arg Thr Ala Tyr
65 70 75 80

Met Glu Leu His Thr Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95

Ala Arg Cys Gly Asp Tyr Asp Leu Phe Phe Phe Phe Ala Tyr Trp Gly
100 105 110

Gln Gly Thr Leu Val Thr Val Ser Ala Ala Ser Thr Lys Gly Pro Ser

115 120 125

Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr Ser Gly Gly Thr Ala
130 135 140

Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro Glu Pro Val Thr Val
145 150 155 160

Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val His Thr Phe Pro Ala
165 170 175

Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser Ser Val Val Thr Val

180 185 190

Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile Cys Asn Val Asn His
195 200 205

Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Val Glu Pro Lys Ser Cys
210 215 220

Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala Pro Glu Leu Arg Gly
225 230 235 240

Gly Pro Lys 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 His

260 265 270

Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val Asp Gly Val Glu Val

275 280 285

His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln Tyr Ala 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 Ala Leu Pro Ala Pro 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 Arg 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

Tyr Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr Ser Lys Leu Thr Val

405 410 415

Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe Ser Cys Ser Val Met

420 425 430

His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Glu Ser Leu Ser Leu Ser

435 440 445

Pro

<210> 580

<211> 214

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><223> XENP38084 Chain 2-_Comp_CH02[CLDN6]_H0_L0

<400> 580

Asp Ile Val Met Thr Gln Phe Gln Lys Phe Met Ser Thr Ser Val Gly
1 5 10 15

Asp Arg Val Ser Val Thr Cys Lys Ala Ser Gln Asn Val Gly Thr Asn
20 25 30

Val Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Glu Ala Leu Ile
35 40 45

Ser Ser Ala Ser Ser Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Thr Gly
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Thr Asn Val Gln Ser
65 70 75 80

Glu Asp Leu Ala Asp Tyr Phe Cys Gln Gln Tyr Asn Ser Phe Pro Phe
85 90 95

Thr Phe Gly Ser Gly Thr Glu Leu 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